

Table 1
Comparison of diversity indices in 100 individuals from Bologna (Italy)

	HVI I	HVII	HVIII	HVI + HVII	HVI + HVII + HVIII
Haplotype diversity	0.967 ± 0.012	0.965 ± 0.008	0.590 ± 0.056	0.992 ± 0.004	0.995 ± 0.003
Mean number of pairwise differences	4.533 ± 2.248	3.418 ± 1.762	1.342 ± 0.051	7.951 ± 3.727	9.293 ± 4.305
Random match probability (P)	0.042	0.044	0.415	0.017	0.015
Nucleotide diversity	0.070 ± 0.038	0.092 ± 0.052	0.074 ± 0.051	0.078 ± 0.040	0.078 ± 0.040
Observed substitutions	67	35	9	102	111
Observed insertion/deletion	1	3	9	4	13
Polymorphic sites	64	36	18	100	118
Haplotypes	66	52	15	85	88



Forensic Science International

Journal homepage: www.elsevier.com/locate/forensi

Different informativeness of the three hypervariable mitochondrial DNA regions in the population of Bologna (Italy)

C. Bini^a, S. Cecanti^a, D. Luiselli^b, G. Ferri^a, S. Pajotari^a, C. Colabigaro^a, M. Falconi^a, G. Paparicciolo^a

^aDepartment of Medicine and Public Health, University of Bologna, University of Bologna, 40126 Bologna, Italy
^bDepartment of Biology, University of Bologna, University of Bologna, 40126 Bologna, Italy

Received 15 March 2002; received in revised form 15 April 2002; accepted 14 April 2003

ตารางที่ 3 ค่าสถิติทางพันธุศาสตร์ในตำแหน่งการตรวจต่าง ๆ และในตำแหน่งการตรวจเมื่อนำมาวิเคราะห์ร่วมกัน

ตำแหน่งการตรวจ วิเคราะห์	Statistic (n=100)		
	ค่าความน่าจะเป็นการจับคู่ แบบคู่ (P)	ค่ากำลังการแยกแยะ (Dp)	ค่าความหลากหลายของ รูปแบบสารพันธุกรรม (h)
HVR I	0.0156	0.9844	0.9943
HVR II	0.0246	0.9754	0.9853
HVR III	0.2142	0.7858	0.7973
HVR I และ II ร่วมกัน	0.0104	0.9896	0.9996
ทั้ง 3 HVR ร่วมกัน	0.0100	0.9900	1.0000

วารสารนิติเวชศาสตร์ ปีที่ 4 ฉบับที่ 1
กันยายน – ธันวาคม พ.ศ. 2554

การใช้ HVR III เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการตรวจพิสูจน์บุคคลด้วยไมโทคอน

เดรียดีเอ็นเอในกลุ่มประชากรภาคกลางของประเทศไทย

MITOMAP
MITOMASTER
MITOWIKI

Tools
Log In
Register
Help
Search
Feedback
Index

Mitochondrial DNA-like sequences in the nucleus (NUMTs)

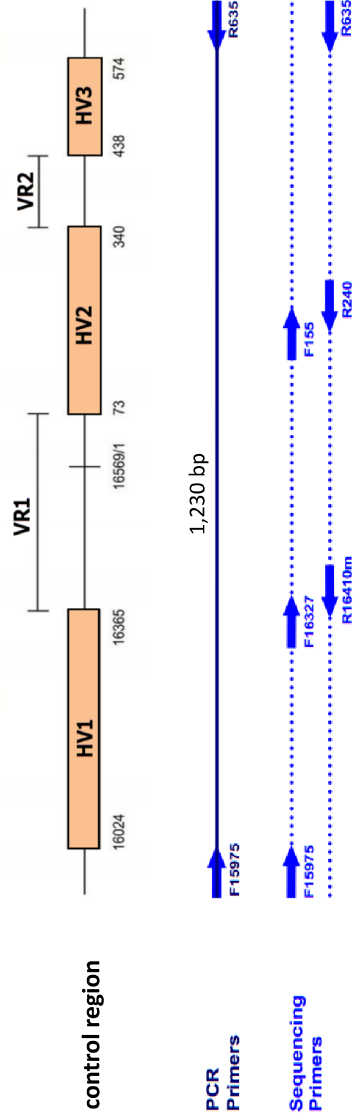
Nuclear mitochondrial DNA sequences (NUMTs) are common in eukaryotes. Human mtDNA sequences are listed below by their location in the human nuclear genome. Celeris Scaffold and GenBank accession numbers are indicated for each NUMT-containing contig. Date of last update: September 29, 2006.

Chromosome Location	Celeris Scaffold and GenBank accession numbers	% rCRS similarity	mtDNA Location (CRS: NC_012920)
1p36.3	GA_x5I8B7FOVAE:1..500000 GenBank: AL663100.12	82 81	1123-910 1117-910
1p36.3	GA_x5I8B7FOVAE:4000001..4500000 GenBank: AL356693.37	90 90	2468-2675 2675-2466
1p36.3	GA_x5I8B7FOVAE:1000001..1500000 GenBank: AL139415.10	89 89	8040-8202 8040-8202
1p34.3	GA_x5L2HTVAVSK:8500001..9000000 GenBank: AL513220.9	100 100	8934-9007 8934-9007
1p32	GA_x54KRER971S:1..3319 AL645730.10	78 78	4688-5022 4608-5022
1p31	GA_x5H67VC:15FA:3500001..4000000 GenBank: AC096951.2	89 88	16587-16401 16567-16401
1p13	GenBank: AL627169.8	74	5855-9316
		69	1721-3106
		75	5686-5892

http://www.mitomap.org/bin/view.pl/MITOMAP/PseudogeneList

Alternative in performing PCR for mitochondrial control region analysis

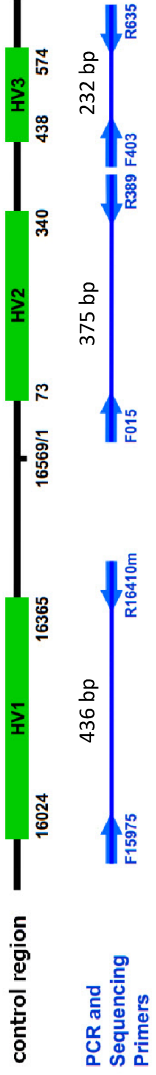
1. Entire control region



Primers for PCR and Sequencing:

Primer	Sequence (5'→3')	Usage
F15975	CTC CAC CAT TAG CAC CCA AA	PCR and Sequencing
F16327	CCG TAC ATA GCA CAT TAC AGT C	Sequencing
F155	TAT TTA TCG CAC CTA CGT TC	Sequencing
R16410m	GAG GAT GGT GGT CAA GGG A	Sequencing
R240	TAT TAT TAT GTC CTA CAA GCA	Sequencing
R635	GAT GTG AGC CCG TCT AAA CA	PCR and Sequencing

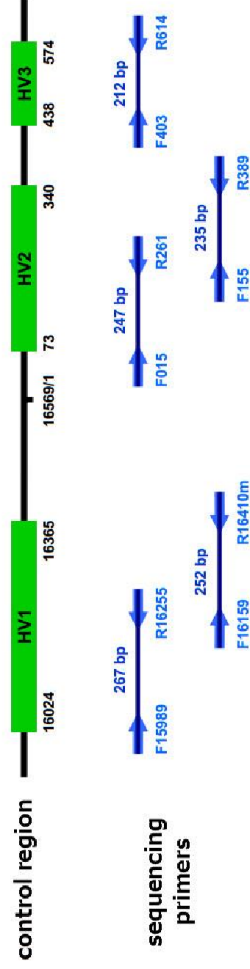
2. Only hypervariable regions



Primers for PCR and Sequencing:

Primer	Sequence (5'→3')	Usage
F15975	CTC CAC CAT TAG CAC CCA AA	PCR and Sequencing
F015	CAC CCT ATT AAC CAC TCA CG	"
F403	TCT TTT GGC GGT ATG CAC TTT	"
R16410m	GAG GAT GGT GGT CAA GGG A	"
R389	CTG GTT AGG CTG GTG TTA GG	"
R635	GAT GTG AGC CCG TCT AAA CA	"

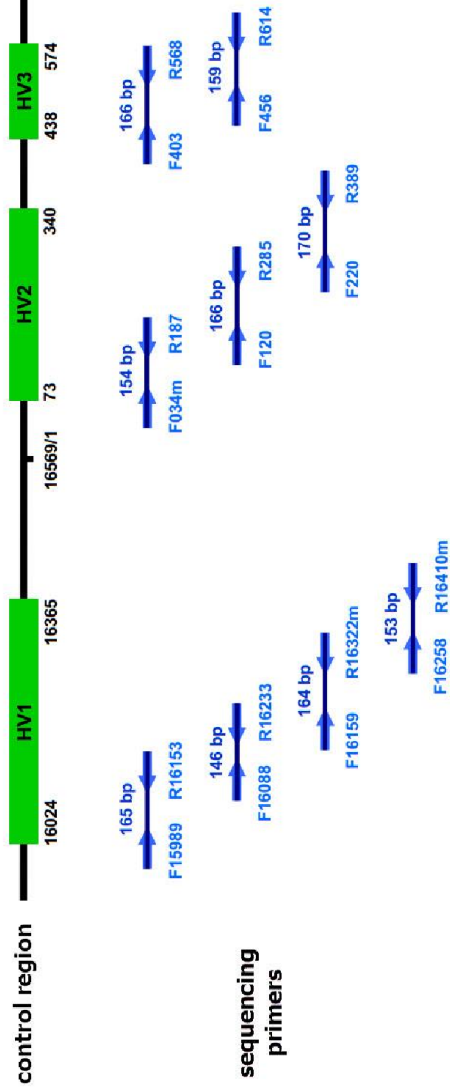
3. Degraded samples



Primers for PCR and sequencing in case of degraded samples

Region	Amplicon	Primer	Sequence (5'→3')
HV1	P11	F15989	CCC AAA GCT AAG ATT CTA AT
		R16255	CTT TGG AGT TGC AGT TGA TG
		F16159	CAT AAA AAC CCA ATC CAC AT
HV2	P21	R16410m	GAG GAT GGT GGT CAA GGG A
		F015	CAC CCT ATT AAC CAC TCA CG
		R261	GCT GTG CAG ACA TTC AAT TGT T
HV3	P31	F155	TAT TTA TCG CAC CTA CGT TC
		R389	CTG GTT AGG CTG GTG TTA GG
		F403	TCT TTT GGC GGT ATG CAC TTT
		R614	TTT CAG TGT ATT GCT TTG AGG A

3. Highly degraded samples



Primers for PCR and sequencing in case of highly degraded samples

Region	Amplicon	Primer	Sequence (5'→3')
HV1	M11	F15989	CCC AAA GCT AAG ATT CTA AT
		R16153	CAG GTG GTC AAG TAT TTA TGG
	M12	F16088	TGT ATT TCG TAG ATT ACT GC
		R16233	TGA TAG TTG AAG GTT GAT TGC TGT
HV2	M13	F16159	CAT AAA AAC CCA ATC CAC AT
		R16322m	TGG CTT TAT GTA CTA TGT ACT G
	M14	F16258	ACC CCT CAC CCA CTA GGA TA
		R16410m	GAG GAT GGT GGT CAA GGG A
HV3	M21	F034m	GGG AGC TCT CCA TGC ATT T
		R187	CGC CTG TAA TAT TGA ACG TA
	M22	F120	CGC AGT ATC TGT CTT TGA TTC C
		R285	GTT ATG ATG TCT GTG TGG AA
HV3	M23	F220	TGC TTG TAG GAC ATA ATA AT
		R389	CTG GTT AGG CTG GTG TTA GG
	M31	F403	TCT TTT GGC GGT ATG CAC TTT
		R568	GTG TCT TTG GGG TTT GGT TG
M32	F456	CCC CTC CCA CTC CCA TAC T	
	R614	TTT CAG TGT ATT GCT TTG AGG A	

Polymorphisms in mitochondrial sequencing

1. substitution

Reporting Differences from rCRS

rCRS →

```

TACTACTATCTCTCAGCAGCCCCCGCCGATCCTACCCGACf
TACTACTATCTCTCAGCAGCCCCCGCCGATCCTACCCGACf
TACTACTATCTCTCTCATTCAGCCCCCGCCGATCCTACCCGACf
TACTACTATCTCTCTCATTCAGCCCCCGCCGATCCTACCCGACf
    
```

476 489 493 495 498 499 500 501 502 503 504 505 506 507 508 509 510

Point Mutations are listed as differences from the rCRS

489 T-C
493 A-G

Chromatograms from Contig(0001)

H11_E314.C1-1-12.ab1 Fragment Base #104, Base 104 of 265

T C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

A C R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

A01_E361.C1-1-12.ab1 Fragment Base #50, Base 50 of 808

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

C A R A C R A C R A G C C C C G C C G A T C C T A C C C G A C f

2. insertion

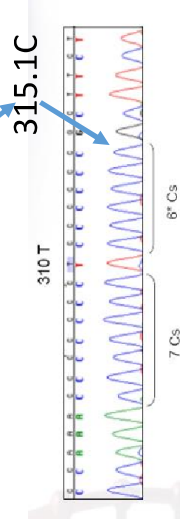
Reporting Differences from rCRS

Sequence AAACCCCGCCCTCCCGCCGCTT
rCRS AAACCCCGCCCTCCCGCCGCTT

303 310 315

Sequence AAACCCCGCCCTCCCGCCGCTT
rCRS AAACCCCGCCCTCCCGCCGCTT

303 310 315



Deletions

- Deletions – report the position and bases deleted...

AGCACACACACAC : **CCCTGCTAACI**
AGCACACACACAC : **CCCTGCTAACI**
rCRS AGCACACACACAC**CCCTGCTAACI**

10 **1520** **1530**
AGCACACACACAC **CCCTGCTAACI**

523 A-del
524 C-del

**ข้อกำหนดการบันทึกตำแหน่งที่แตกต่าง
จากสายดีเอ็นเออ้างอิง (rCRS)**

จากสายดีเอ็นเออ้างอิง (rCRS)

FORENSIC SCIENCE COMMUNICATIONS
October 2002 - Volume 4 - Number 4

Research and Technology
Further Discussion of the Consistent Treatment of Length Variants in the Human Mitochondrial DNA Control Region

Mark R. Wilson
Supervisor Special Agent
Forensic Science Research Unit
FBI, Quantico, Virginia

ข้อกำหนด

1. บันทึกความแตกต่างของลำดับเบสเมื่อเปรียบเทียบกับสายอ้างอิง ให้มีจำนวนน้อยที่สุด
2. ที่ตำแหน่งใด ๆ หากพบว่าสามารถบันทึกความแตกต่างของลำดับเบสจากสายอ้างอิงได้มากกว่า 1

วิธี ให้จัดเรียงลำดับความสำคัญของการบันทึกความแตกต่างของลำดับเบส ดังนี้

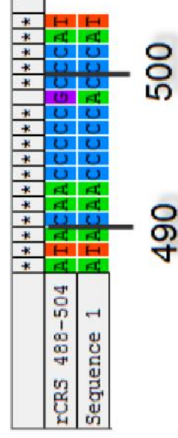
- 2.1 การแทรก (insertion) หรือการขาดหาย (deletion) : Indels
- 2.2 Transition หรือการเปลี่ยนแปลงจากเบส purine เป็น purine เช่น A ↔ G หรือเปลี่ยนแปลงจากเบส pyrimidine เป็น pyrimidine เช่น C ↔ T

2.3 Transversion หรือการเปลี่ยนแปลงจากเบส purine เป็น pyrimidine หรือ pyrimidine เป็น

purine เช่น A ↔ T หรือ A ↔ C หรือ G ↔ C หรือ G ↔ T

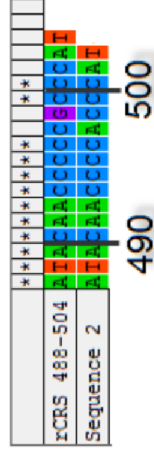
3. การแทรกและการขาดหาย ต้องจัดเรียงตามทิศ 3' ของสาย light strand ให้มากที่สุด

ข้อ 1



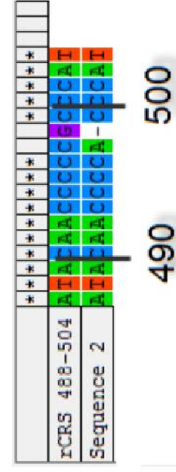
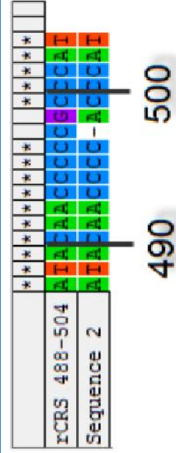
499A

ข้อ 2

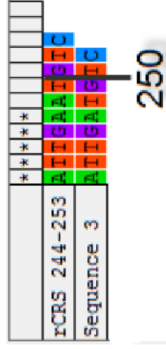


498DEL, 499A

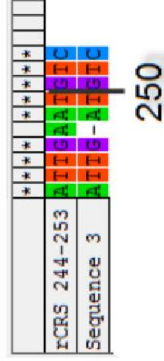
498A, 499DEL



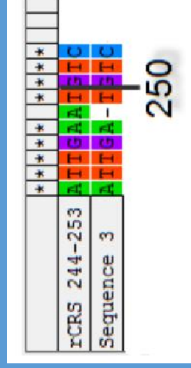
ข้อ 3



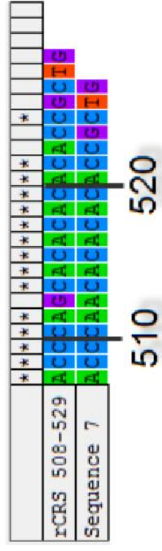
248DEL



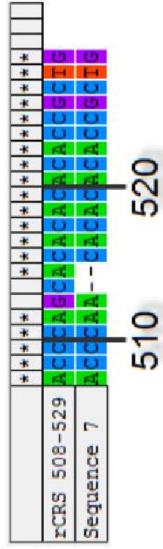
249DEL



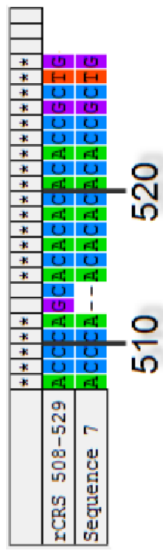
ข้อ 7



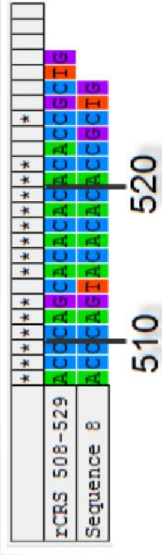
513A, 514DEL, 515DEL



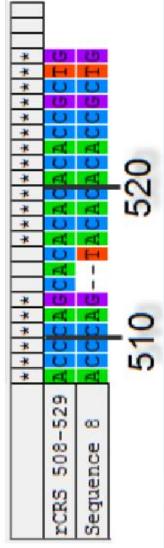
513DEL, 514DEL



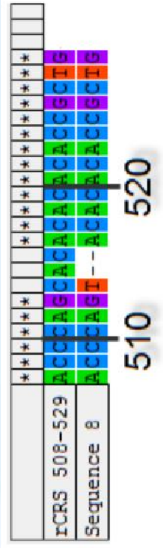
ข้อ 8



514DEL, 515DEL, 516T

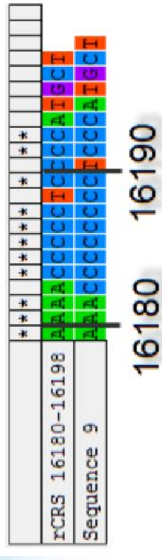


514T, 515DEL, 516DEL

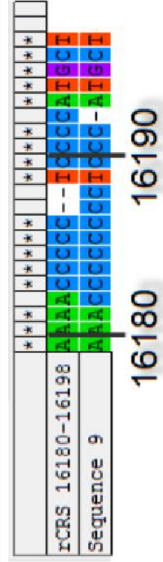


514T, 523DEL, 524DEL

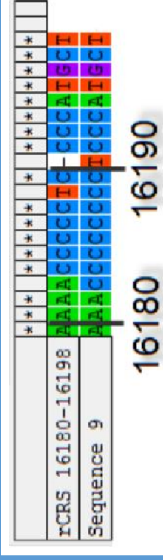
ข้อ 9



16183C, 16188.1C,
16188.2C, 16193DEL



16183C, 16189C, 16190.1T



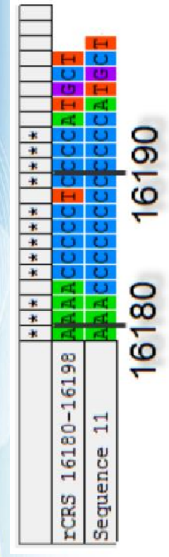
16183C, 16189C, 16190.1T

ข้อ 10

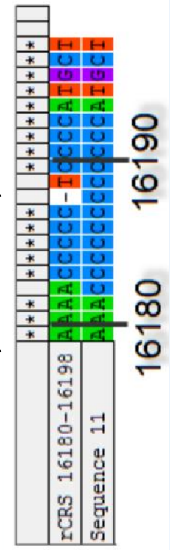


16182C, 16183C, 16189C

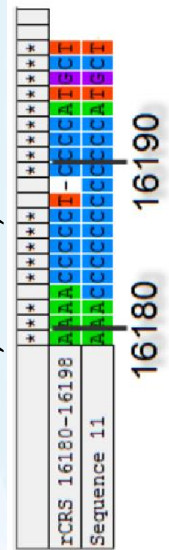
ข้อ 11



16183C, 16188.1C, 16189C

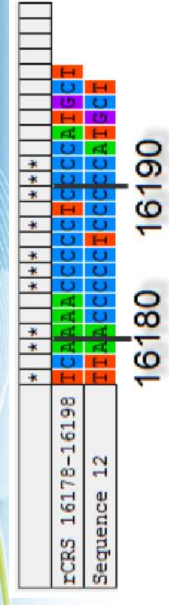


16183C, 16189C, 16189.1C

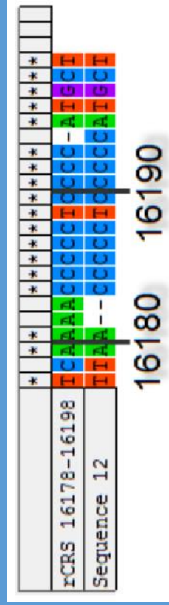


16183C, 16189C, 16193.1C,

ข้อ 12



16179T, 16182DEL,
16183DEL, 16193.1C



16179T, 16180DEL,
16181DEL, 16193.1C

ข้อ 13

** ** ** ** *
rCRS 16180-16198
Sequence 13

16180 16190

16186T, 16189C, 16193DEL

** ** ** ** *
rCRS 16180-16198
Sequence 13

16180 16190

** ** ** ** *
rCRS 16180-16198
Sequence 13

16180 16190

16186T, 16189DEL



ข้อ 14

** * ** ** *
rCRS 16180-16198
Sequence 14

16180 16190

16183C, 16188.1C, 16193.1C

** * ** ** *
rCRS 16180-16198
Sequence 14

16180 16190

ข้อ 15

* ** * ** ** *
rCRS 16178-16198
Sequence 15

16180 16190

16179T, 16183C, 16188.1C, 16189C, 16190T

* ** * ** ** *
rCRS 16178-16198
Sequence 15

16180 16190

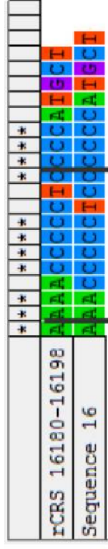
16179T, 16183C, 16189C, 16190.1T

* ** * ** ** *
rCRS 16178-16198
Sequence 15

16180 16190

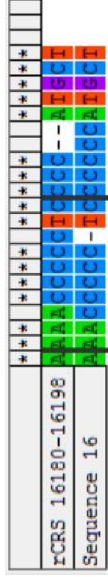


ข้อ 16



16180 16190

16183C, 16188DEL, 16193.1C, 16193.2C



16180 16190

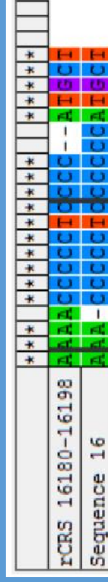
16183C, 16187.1T, 16189C



16180 16190



16183DEL, 16193.1C, 16193.2C,



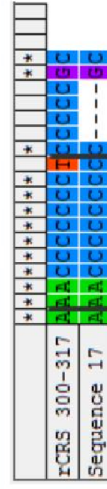
16180 16190

ข้อ 17



300 310 320

310C, 312DEL, 313DEL, 314DEL, 315DEL



300 310

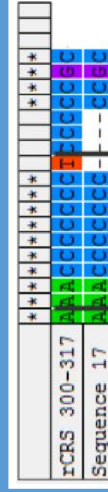
307DEL, 308DEL, 309DEL, 310DEL



300 310



310DEL, 311DEL, 312DEL, 313DEL



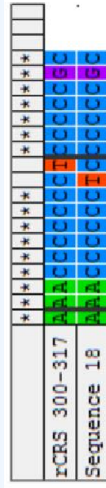
300 310

ข้อ 18



300 310

309T, 310C



300 310

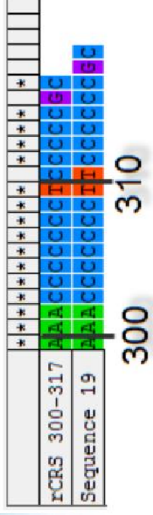


309DEL, 315.1C

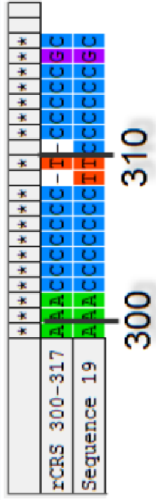


300 310

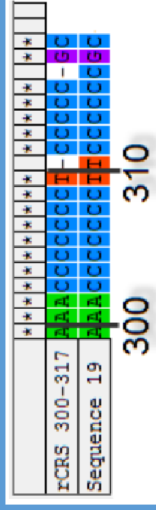
ข้อ 19



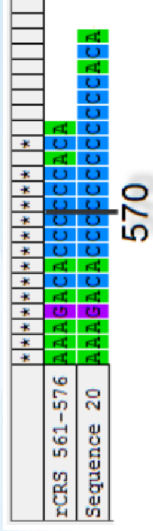
309.1T, 310.1C



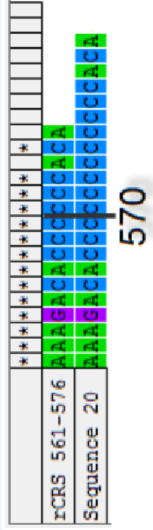
310.1T, 315.1C



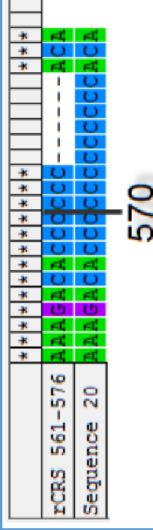
ข้อ 20



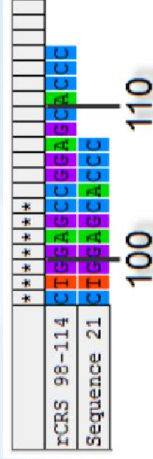
574C, 576C



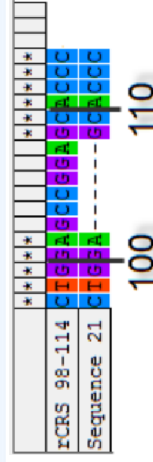
573.1C, 573.2C, 573.3C,
573.4C, 573.5C, 573.6C



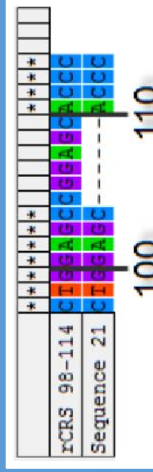
ข้อ 21



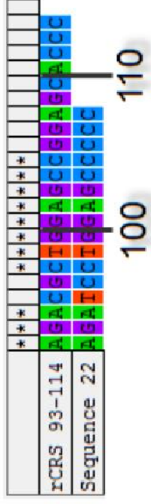
103DEL, 104DEL, 105DEL,
106DEL, 107DEL, 108DEL



105DEL, 106DEL, 107DEL,
108DEL, 109DEL, 110DEL



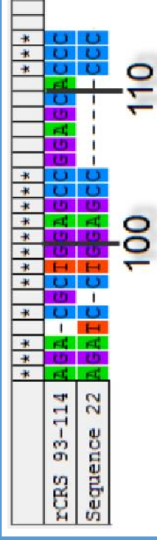
ข้อ 22



96T, 97C, 106DEL, 107DEL, 108DEL,
109DEL, 110DEL, 111DEL



95.1T, 97D, 106DEL, 107DEL,
108DEL, 109DEL, 110DEL, 111DEL



Thank you
For your attention

สุคนธ์ ประดุงกาญจนา
mitojin@live.com