

STR vs 超微基因偵測親子鑒定方法比較		
方法學	反向間接推斷法： <u>主觀</u> 選擇 21 個（或更多）STR 位點來作彼此差異性的間接排查	正向直接檢驗法：用全基因組 300 萬個 SNP 位點來作彼此相似度的 <u>客觀</u> 匹配
分子技術	PCR 擴增及毛細管電泳後進行擴增產物電泳距離的分辨比較	全基因組雜交（Whole Genome Hybridization）比較 DNA 同源性
靶定分子	STR: Short Tandem Repeat 短串聯重複序列	SNP: Single Nucleotide Polymorphism 單核苷酸多態性
原理	貝氏(Bayes)概率推斷的應用。以樣本資訊及先驗資訊對樣本進行 STR 概率分佈的統計計算，來推斷差異性排除後的 <u>主觀認定</u> 。差異性排除能力受干擾於 STR 位點隨機突變的發生頻率	孟德爾（Mendel）生物遺傳定律的應用。以分離規律及自由組合規律，對樣本進行 DNA 相似度對數遞減事實的 <u>客觀鑒定</u> 。相似度比對能力不受干擾於 SNP 隨機突變發生頻率
先決條件	需有測試人群（臺灣）中 STR 多樣性概率分佈的全部樣本先驗資訊	無需任何測試人群 SNP 變異概率分佈的先驗資訊或樣本資訊
必要條件	必需比對所有直接共給測試者生命來源者的 DNA	只需比對測試者彼此的 DNA
準確度	準確度隨 STR 位點增加可逐漸修正提高	準確度不因 SNP 位點增加而改變
驗證	無法交叉驗證統計機率的可靠性	能交叉驗證鑒定結果的再現性
結論	結論無法 100% 確定	結論能 100% 確定
辨識能力	無法分辨父子/父女/母子/母女關係的差別	能分辨父子/父女/母子/母女關係的差別
全方位性	無法全方位辨識全家族血緣關係	能全方位辨識全體家族完整血緣關係
測試盲點	STR 機率計算會因統計乘法而產生落井下石的歸零效應，只要是非一等親，就可能被歸零成為完全無親源關係	能直接從彼此 DNA 相似度完整解構家族每一成員的遠近親緣關係，無需數學運算