

Allele frequencies and distribution of microsatellite DNA loci “D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, TH01, vWA, TPOX and LPL in a population from northern Thailand

ค่าความถี่และการกระจายตัวของอัลลีลของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, TH01, vWA, TPOX และ LPL ในกลุ่มประชากรไทยภาคเหนือ

ธานินทร์ ภูพัฒน์ พ.บ.*, สุทัศน์ ศรีดวงแก้ว วท.บ.*, เลิศลักษณ์ ภูพัฒน์ พ.บ.†

* ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

† ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Abstract

In this study we used DNA extracted by the Chelex method and microsatellite DNA loci D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, TH01, vWA, TPOX and LPL which were investigated from a population of 545 unrelated northern Thais. The database of allele number and frequency of each tetrameric short tandem repeat (STR) loci was established and evaluated if they were suitable for use in personal identification and paternity testing. All loci did not deviate from Hardy-Weinberg equilibrium and the range of observed heterozygosity was between 0.50 and 0.87. The discrimination power and the power of exclusion when combined all nine loci were 0.9999999979 and 0.99798 respectively. We also investigated chance of mutation of each locus from 1276 parent-child pairs and we found that the mutation rates ranged from 0 – 0.37 % with the average of 1%. Hence, the combination of these systems provides a powerful tool in forensic case works when applied to northern Thai population.

บทคัดย่อ

ตัวอย่างดีเอ็นเอที่สกัดด้วยวิธี Chelex จากคนไทยภาคเหนือจำนวน 545 ตัวอย่าง ได้ถูกนำมาตรวจหา ลักษณะดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, TH01, vWA, TPOX และ LPL พบว่าจำนวนและค่าความถี่ของอัลลีลในตำแหน่งต่างๆ เหมาะที่จะนำมาใช้ในการ พิสูจน์บุคคล และพิสูจน์บุตร ดีเอ็นเอทุกตำแหน่งมีการกระจายตัวของลักษณะทางพันธุกรรมเป็นไปตามกฎ ความสมดุลย์ของ Hardy – Weinberg พบค่าลักษณะพันธุทาง (heterozygosity) อยู่ในช่วง 0.50 ถึง 0.87 ค่ากำลังการแยกแยะและค่ากำลังการคัดออก เมื่อใช้ทั้ง 9 ตำแหน่งร่วมกันเท่ากับ 0.999999979 และ 0.99798 ตามลำดับ อย่างไรก็ตาม เมื่อตรวจสอบโอกาสของการผ่าเหล่าจากคู่พ่อลูกหรือแม่ลูก จำนวน 1276 คู่ พบว่าอัตราการผ่าเหล่าของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์เหล่านี้ มีค่าอยู่ระหว่าง 0 - 3.7% โดยเฉลี่ยแล้ว ประมาณ 1%

ดังนั้นการใช้ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ทั้ง 9 ตำแหน่ง จะเป็นประโยชน์มากในงานนิติเวช เมื่อใช้กับ ประชากรคนไทยในภาคเหนือ

บทนำ

ในประเทศไทย การตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอสำหรับงานนิติเวชและนิติวิทยาศาสตร์กำลังเป็นที่นิยมและ เป็นที่ต้องการของสังคมมากขึ้น (1-5) หน่วยงานที่เกี่ยวข้องของพยายามศึกษา พัฒนารูปแบบการตรวจเพื่อขยายงาน บริการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอให้ครอบคลุม ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ได้ พัฒนาการตรวจดีเอ็นเอขึ้นเองและได้เปิดบริการมานาน อย่างไรก็ตามการแปลผลตรวจมีความสำคัญอย่างยิ่ง หย่อนไปกว่าวิธีการตรวจ และข้อมูลที่เป็นในการแปลผล คือ ค่าความถี่ของอัลลีลต่างๆ ที่พบในตำแหน่งดี เอ็นเอที่ใช้ นอกจากนั้นวิธีการตรวจที่ใช้ควรจะถูกประเมินเช่นกันว่าตรวจแล้วน่าเชื่อถือมากน้อยเพียงใด การ ทราบค่าความถี่และเข้าใจการกระจายตัวของอัลลีลที่พบในดีเอ็นเอตำแหน่งต่างๆ ที่เราใช้ จากกลุ่มประชากร ในภูมิภาคของตนเอง จะทำให้การนำค่าเหล่านั้นมาใช้แปลผลการตรวจพิสูจน์ ถูกต้องตามหลักวิทยาศาสตร์ มากขึ้น และเหมาะสมกับสภาพความจำเป็นของประเทศ

วัสดุและวิธีการ

ตัวอย่าง DNA ที่สกัดจากเลือดโดยวิธี Chelex (6) จากผู้ที่มารับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอในภาควิชา นิติเวชศาสตร์ ซึ่งไม่ได้เป็นญาติพี่น้องกัน จำนวน 545 ราย ถูกนำมาตรวจสอบลักษณะดีเอ็นเอไมโครแซทเทล

ไลท์จำนวน 9 ตำแหน่ง ได้แก่ D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, TH01, vWA, TPOX และ LPL ซึ่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 3, 5, 7, 8, 13, 11, 12, 2 และ 8 ตามลำดับ

การตรวจลักษณะทางพันธุกรรม (genotype) ของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่งต่าง ๆ ทำโดยใช้เทคนิคเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วย polymerase chain reaction ในปริมาตร 10 ไมโครลิตร แยกหลอดแยก คู่ primers ในสารละลายปฏิกิริยาประกอบด้วย 20 มิลลิโมลาร์ ของ Tris, pH 8.4, 50 มิลลิโมลาร์ ของ KCl, 1.5 มิลลิโมลาร์ ของ $MgCl_2$, 0.01% bovine serum albumin, 0.05% Tween 20, 100 ไมโครโมลาร์ ของ dNTP แต่ละชนิด 4 ชนิด, 0.2 ไมโครโมลาร์ ของ primers ทั้งสองตัว และเอนไซม์ Taq DNA polymerase 0.2 หน่วย หลอดปฏิกิริยาถูกนำเข้าสู่เครื่องปรับเปลี่ยนอุณหภูมิ โดยตั้งค่าอุณหภูมิ ดังนี้ 94 C 1 นาที, 58 C 1 นาที และ 72 C 1 นาที รวมทั้งสิ้น 30 รอบ

สำหรับลำดับเบสของทั้ง 9 ตำแหน่งมีรายละเอียดดังนี้

D3S1358 locus

เส้นที่ 1 (primer A): 5'-ACT GCA GTC CAA TCT GGG T-3'

เส้นที่ 2 (primer B): 5'-ATG AAA TCA ACA GAG GCT TG-3'

D5S818 locus

เส้นที่ 1 (primer A): 5'-GGG TGA TTT TCC TCT TTG GT-3'

เส้นที่ 2 (primer B): 5'-TGA TTC CAA TCA TAG CCA CA-3'

D7S820 locus

เส้นที่ 1 (primer A): 5'-TGT CAT AGT TTA GAA CGA ACT AAC G-3'

เส้นที่ 2 (primer B): 5'-CTG AGG TAT CAA AAA CTC AGA GG-3'

D8S1179 locus

เส้นที่ 1 (primer A): 5'-TTT TTG TAT TTC ATG TGT ACA TTC G-3'

เส้นที่ 2 (primer B): 5'-CGT AGC TAT AAT TAG TTC ATT TTC-3'

D13S317 locus

เส้นที่ 1 (primer A): 5'-ACA GAA GTC TGG GAT GTG GA-3'

เส้นที่ 2 (primer B): 5'-GCC CAA AAA GAC AGA CAG AA-3'

TH01 locus

เส้นที่ 1 (primer A): 5'-GTG GGC TGA AAA GCT CCC GAT TAT-3'

เส้นที่ 2 (primer B): 5'-GTG ATT CCC ATT GGC CTG TTC CTC-3'

vWA locus

เส้นที่ 1 (primer A): 5'-GGA CAG ATG ATA AAT ACA TAG GAT GGA TGG-3'

เส้นที่ 2 (primer B): 5'-CCC TAG TGG ATG ATA AGA ATA ATC-3'

TPOX locus

เส้นที่ 1 (primer A): 5'-CAC TAG CAC CCA GAA CCG TC-3'

เส้นที่ 2 (primer B): 5'-CCT TGT CAG CGT TTA TTT GCC-3'

Lipol locus

เส้นที่ 1 (primer A): 5'-CTG ACC AAG GAT AGT GGG ATA TAG-3'

เส้นที่ 2 (primer B): 5'-GGT AAC TGA GCG AGA CTG TGT CT-3'

การแยกชิ้นดีเอ็นเอ เพื่อระบุชนิดของอัลลีล ทำด้วย polyacrylamide gel electrophoresis ในชุดแยกสารในวุ้น protean II xi cell โดยขนาดของวุ้นกว้าง 16 ซม. ยาว 20 ซม. และหนา 0.1 ซม. ความเข้มข้นของ acrylamide โดยรวม = 8.5% และ 4.8 % ของ bis-acrylamide (7) gel buffer ประกอบด้วย 33 มิลลิโมลาร์ของ Tris-SO₄ (pH 4.5), 6% glycerol และ electrophoresis buffer = 1x TBE

ย้อมวุ้นด้วย silver staining (8) การระบุชนิดของชิ้นดีเอ็นเอของตัวอย่างตรวจโดยการเทียบกับอัลลีลมาตรฐาน

ได้คัดเลือกคู่บุพการีและบุตรอีก 1276 คู่ เพื่อตรวจสอบโอกาสเกิดการผ่าเหล่าในดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ทั้ง 9 ตำแหน่ง

ผลการค้นคว้าวิจัย

ผลการตรวจลักษณะดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์จากตัวอย่าง 545 ราย พบว่าสามารถเก็บข้อมูลลักษณะดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่งต่างๆ ได้จำนวนตัวอย่างต่างๆ กัน และ เมื่อนับค่าความถี่ของอัลลีลต่างๆ ที่พบในตำแหน่งต่างๆ ปรากฏดังในตารางที่ 1

ตารางที่ 1 - แสดงค่าความถี่ของอัลลีลต่างๆ ที่พบในดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ทั้ง 9 ตำแหน่ง

Allele	D3S1358 n=428	D5S818 n=418	D7S820 n=329	D8S1179 n=373	D13S317 n=430	TH01 n=423	vWA n=423	TPOX n=404	LPL n=361
6			0.002			0.110			
7		0.019	0.003		0.002	0.343			
8		0.001	0.126		0.342	0.054		0.583	0.001
9		0.037	0.064	0.001	0.131	0.365		0.116	0.011
10		0.207	0.190	0.170	0.134	0.123		0.040	0.658
11		0.306	0.360	0.133	0.215	0.005		0.246	0.079
12		0.248	0.196	0.133	0.137			0.015	0.240
13		0.158	0.052	0.166	0.033				0.011
14	0.029	0.022	0.005	0.162	0.005		0.300		
15	0.308	0.002	0.003	0.157	0.001		0.018		
16	0.321			0.060			0.132		
17	0.266			0.013			0.223		
18	0.063			0.004			0.219		
19	0.012						0.084		
20							0.022		
21							0.001		

หมายเหตุ -ค่าความถี่ของอัลลีล 10 ที่ตำแหน่ง TH01 จะรวมค่าความถี่ของอัลลีล 9.3 เข้าไปด้วย

สำหรับประสิทธิภาพของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ทั้ง 9 ตำแหน่ง ในการตรวจพิสูจน์บุคคลและพิสูจน์บุตร พบว่า ค่ากำลังการแยกแยะ (power of discrimination) และค่ากำลังการคัดออก (power of exclusion) ปรากฏในตารางที่ 2

ตารางที่ 2 – แสดงค่ากำลังการแยกแยะและค่ากำลังการคัดออกของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ทั้ง 9 ตำแหน่ง

Microsatellite DNA	Observed heterozygosity	Expected heterozygosity	Power of discrimination	Power of exclusion
D3S1358	0.699	0.7281±.0215	0.880	0.426
D5S818	0.768	0.7767±.0204	0.914	0.541
D7S820	0.748	0.7755±.0230	0.918	0.506
D8S1179	0.871	0.8558±.0182	0.957	0.737
D13S317	0.791	0.7836±.0199	0.918	0.582
TH01	0.693	0.7207±.0218	0.874	0.417
vWA	0.792	0.7890±.0198	0.919	0.584
TPOX	0.592	0.5858±.0245	0.770	0.281
LPL	0.501	0.5043±.0263	0.700	0.189
Combined	-	-	0.999999979	0.99798

สำหรับโอกาสการผ่าเหล่า พบว่าอัตราการผ่าเหล่าของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่งต่างๆ ปรากฏในตารางที่ 3

ตารางที่ 3 - แสดงค่าอัตราการผ่าเหล่าของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ทั้ง 9 ตำแหน่ง

Microsatellite DNA	จำนวนครั้งของการผ่าเหล่า	จำนวนคู่ บุพการี-เด็ก	อัตราการผ่าเหล่า
D3S1358	1	959	0.001
D5S818	0	1098	0
D7S820	0	590	0
D8S1179	1	936	0.0011
D13S317	1	1103	0.00091
TH01	0	1105	0
vWA	4	1094	0.0037
TPOX	0	1072	0
LPL	1	329	0.003

ทดสอบการกระจายตัวของลักษณะ genotype ว่าเป็นไปตาม Hardy – Weinberg equilibrium โดยใช้ χ^2 test ซึ่งกำหนดให้คู่เปรียบเทียบระหว่าง Observed และ Expected genotype ได้ที่มีค่า Expected

genotype < 5 จะถูกรวมกลุ่มกัน ปรากฏว่าทุกตำแหน่งมีการกระจายตัวของลักษณะ genotype เป็นไปตาม Hardy – Weinberg equilibrium ทั้งสิ้น โดยมีค่า χ^2 และ Probability (p) ดังตารางที่ 4

ตารางที่ 4 - แสดงผลการทดสอบการกระจายตัวของลักษณะ genotype ของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ตำแหน่งต่างๆ ว่าเป็นไปตามกฎของ Hardy – Weinberg equilibrium

Microsatellite DNA	$\chi^2 = \sum(O - E)^2 / E$	Probability (p)	Degree of freedom
D3S1358	8.08	0.75 – 0.90	12
D5S818	4.615	0.990 – 0.995	14
D7S820	10.97	0.75 – 0.90	17
D8S1179	28.98	0.25 – 0.50	27
D13S317	12.592	0.50 - 0.75	16
TH01	20.78	0.10 – 0.25	14
vWA	20.28	0.10 – 0.25	15
TPOX	4.46	0.75 – 0.90	9
LPL	2.14	0.950 – 0.975	7

เนื่องจากดีเอ็นเอตำแหน่ง D8S1179 และ LPL อยู่บนโครโมโซมเดียวกันจึงได้ทำการทดสอบ linkage equilibrium ของอัลลีลบนตำแหน่งทั้งสอง พบว่าดีเอ็นเอทั้ง 2 ตำแหน่ง มีความเป็นอิสระต่อกัน ดังที่ปรากฏใน ตารางที่ 5

ตารางที่ 5 แสดงผลการทดสอบ linkage equilibrium ของอัลลีลบนตำแหน่งดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ D8S1179 และ LPL

D8S1179/LPL	8	9	10	11	12	13	รวม
10	0	2	86	10	41	1	140
11	0	0	59	6	33	0	98
12	0	3	70	6	32	1	112
13	1	3	84	12	26	0	126
14	0	0	91	6	31	2	130
15	1	0	92	12	35	2	142
16	0	2	35	6	7	0	50
17	0	0	3	1	2	0	6
18	0	0	3	0	1	0	4
รวม	2	10	523	59	208	6	808

ค่า Chi-square, total 46.2881, degrees of freedom = 40, $0.10 < p < 0.25$

D8S1179/LPL	8	9	10	11	12	13	รวม
10	0.42	0.051	0.277	.006	1.112	0.0018	1.8178
11	0.277	1.398	1.00	0.229	3.67	0.834	7.408
12	0.323	2.21	0.283	0.316	0.544	0.04	3.716
13	1.8	1.6	0.246	1.089	2.037	1.117	7.889
14	0.384	1.94	1.89	1.652	0.291	1.33	7.487
15	1.46	2.16	0.0003	0.336	0.108	1.04	5.1043
16	0.132	3.33	0.065	1.738	3.84	0.399	9.504
17	0.015	0.076	1.15	0.783	0.182	0.045	2.251
18	0.01	0.506	0.247	0.317	0.001	0.03	1.111

อภิปรายผลการวิจัย

จากการวิจัยครั้งนี้แสดงให้เห็นว่า ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ทั้ง 9 ตำแหน่ง สามารถนำมาใช้พิสูจน์บุคคลและพิสูจน์บุตรได้ดี เมื่อใช้ร่วมกันทั้ง 9 ตำแหน่ง จะสามารถแยกแยะบุคคลออกจากกันได้โดยเฉลี่ยประมาณ 1 ใน 476 ล้าน สำหรับการตรวจพิสูจน์บุตรจะสามารถคัดเอาคนที่ไม่ใช่พ่อแท้ๆ ออกไปได้โดยเฉลี่ย = 99.8 % จึงเพียงพอสำหรับการนำมาใช้ในหมู่ประชากรไทยซึ่งมีขนาดประมาณ 60 ล้านคน หากจะดูความสามารถในการพิสูจน์บุคคล ของดีเอ็นเอแต่ละตำแหน่งแยกกันไป จะพบว่าตำแหน่งที่ใช้ประโยชน์ได้มากไปหาน้อย คือ D8S1179, vWA, D13S317, D7S820, D5S818, D3S1358, TH01, TPOX และ LPL ตามลำดับ แต่หากจะใช้ในการพิสูจน์บุตร จะพบว่าตำแหน่งที่ใช้ประโยชน์ได้มากไปหาน้อย คือ D8S1179, vWA, D13S317, D5S818, D7S820, D3S1358, TH01, TPOX และ LPL ลำดับจะสลับกันเล็กน้อยระหว่าง D7S820 กับ D5S818 เท่านั้น แต่ถ้าจะกำหนดกลุ่มของตำแหน่งดีเอ็นเอตามกำลังการแยกแยะออกเป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่มีกำลังการแยกแยะสูง (ค่า power of discrimination ≥ 0.9) กำลังการแยกแยะปานกลาง (ค่า power of discrimination ≥ 0.8) และกำลังการแยกแยะต่ำ (ค่า power of discrimination ≥ 0.7) จะพบว่ากลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยดีเอ็นเอ 5 ตำแหน่ง คือ D8S1179, vWA, D13S317, D7S820, D5S818 กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยดีเอ็นเอ 2 ตำแหน่ง คือ D3S1358, TH01 และกลุ่มที่ 3 ประกอบด้วยดีเอ็นเอ 2 ตำแหน่ง คือ TPOX และ LPL

จากการที่ดีเอ็นเอทุกตำแหน่งมีการกระจายตัวเป็นไปตามกฎความสมดุลย์ของ Hardy – Weinberg จึงทำให้เชื่อได้ว่า วิธีการที่ใช้ตรวจและการเลือกกลุ่มตัวอย่างเป็นไปอย่างถูกต้อง และการที่ดีเอ็นเอเหล่านี้ส่วนใหญ่อยู่บนโครโมโซมที่ต่างกัน ทำให้เชื่อได้ว่าตำแหน่งเหล่านี้จะมีการถ่ายทอดแบบเป็นอิสระต่อกัน

จึงสามารถนำมาใช้ร่วมกันได้ ในการคำนวณค่าสถิติเพื่อใช้ในการแปลผลตรวจพิสูจน์ แม้กระนั้นสำหรับ ตำแหน่ง D8S1179 และ LPL ซึ่งอยู่บนโครโมโซมคู่ที่ 8 ทั้งสองตำแหน่งจำเป็นต้องมีการทดสอบก่อนว่าทั้งสอง ตำแหน่งนี้มีการถ่ายทอดแบบเป็นอิสระต่อกันหรือไม่ ก่อนที่จะนำมาใช้ร่วมกัน สำหรับการผ่าเหล่า นั้นพบว่า มีอัตราการผ่าเหล่าอยู่ระหว่าง 0 – 0.37 % โดยพบได้กับดีเอ็นเอในทุกกลุ่มทั้งที่มีกำลังการแยกแยะต่างๆ กัน อย่างไรก็ตามดีเอ็นเอตำแหน่ง vWA พบการผ่าเหล่าได้บ่อยที่สุด

สรุป

ได้ทำการตรวจลักษณะดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์จากกลุ่มประชากรคนไทยในภาคเหนือ 9 ตำแหน่ง คือ D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, TH01, vWA, TPOX และ LPL ด้วยวิธีเพิ่มปริมาณ สารพันธุกรรมด้วยเทคนิค polymerase chain reaction และแยกแยะลักษณะของดีเอ็นเอเหล่านั้นด้วย polyacrylamide electrophoresis ทำให้ทราบค่าความถี่ของอัลลีลต่างๆ ที่พบในดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ เหล่านี้ และการกระจายตัวของลักษณะทางพันธุกรรม ซึ่งเป็นไปตามกฎของ Hardy – Weinberg ในทุก ตำแหน่ง พบว่าดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์แต่ละตำแหน่ง มีความสามารถในการแยกแยะบุคคลและการคัดผู้ที่ไม่ใช่พ่อออก มากน้อยต่างๆ กันไป โดย ตำแหน่ง D8S1179 จะมีกำลังการแยกแยะและคัดผู้ที่ไม่ใช่พ่อออกได้ สูงสุด ส่วน ตำแหน่ง LPL จะมีความสามารถเหล่านี้ต่ำที่สุด เราพบการผ่าเหล่าเกิดขึ้นในดีเอ็นเอตำแหน่ง ต่างๆ ทั้งที่มีกำลังการแยกแยะสูงและต่ำ อย่างไรก็ตาม ตำแหน่ง vWA มีการผ่าเหล่าสูงที่สุด ดังนั้นการนำดีเอ็นเอตำแหน่งนี้ไปใช้จำเป็นต้องคำนึงถึงเรื่องการผ่าเหล่าให้มาก

กิตติกรรมประกาศ

ผู้วิจัยขอขอบคุณมหาวิทยาลัยเชียงใหม่ที่ช่วยสนับสนุนเงินทุนเพื่อการวิจัยและภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ที่กรุณาให้ยืมใช้สถานที่และเครื่องมือสำหรับทำวิจัยครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

1. Rerkamnuaychoke B, Chantratita W, Jomsawat U, Thanakitgosate J, Ruangvithayanon T, Rojanasunan P. Database of nine tetrameric STR loci D3S1358, vWA, FGA, D8S1179, D21S11, D18S51, D5S818, D13S317 and D7S820 in Thai population. *Forens Sci Int.* 2001; 119: 123-5.
2. Chantratita W, Rerkamnuaychoke B, Jomsawat U, Thanakitgosate J, Ruangvithayanon T, Rojanasunan P. Thai population data on nine tetrameric STR loci D3S1358, vWA, FGA, TH01, TPOX, CSF1PO, D5S818, D13S317 and D7S820. *Forens Sci Int.* 2001; 115: 113-5.
3. Sueblinvong T, Kongsrisook U. Population data of 8 short tandem repeat loci in the Thai population. *Forens Sci Int.* 1999; 103: 199-205.

4. Bhoopat T, Sriduangkaew S, Steger HF. An investigation of the TH01 locus in a population from northern Thailand. *Int J Legal Med.* 1997; 110:286-7.
 5. Jin L, Underhill PA, Buoncristiani M, Robertson JM. Defining microsatellite alleles by genotyping global indigenous human populations and non-human primates. *J Forens Sci.* 1997; 42:496-9.
 6. Walsh PS, Metzger DA, Higuchi R. Chelex-100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR based typing from forensic material. *Bio Techniques.* 1991; 10: 506-13.
 7. Sajantila A, Pacek P, Lukka M, et al, A microsatellite polymorphism in the von Willebrand factor gene : comparison of allele frequencies in different population samples and evaluation for forensic medicine. *Forensic Sci Int.* 1994; 68:91-102.
 8. Budowle B, Chakraborty R, Giusti AM, Eisenberg AJ, Allen RC. Analysis of the VNTR locus D1S80 by the PCR followed by high-resolution PAGE. *Am J Hum Genet.* 1991; 48:137-44.
-