

Allele Frequencies of STR Locus DXS101 on X-Chromosome in Northern Thai Population

ค่าความถี่อัลลีลของ STR ตำแหน่ง DXS101 บนโครโมโซมเพศหญิง ในกลุ่มประชากรคนไทยภาคเหนือ

Anutsara Discharoen *, Tanin Bhoopat MD.**, Lertlakana Bhoopat MD.***

*Forensic Science Program, Graduate School, Chiang Mai University, ** Department of Forensic Medicine, Faculty of Medicine, and

***Department of Pathology, Faculty of Medicine, Chiang Mai University, Chiang Mai 50002, Thailand

อนุสรา ดิศเจริญ*, ธานินทร์ ภูพัฒน์ พ.บ.†† เลิศลักษณ์ ภูพัฒน์ พ.บ.†††

†สาขาวิชานิติวิทยาศาสตร์ บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, †† ภาควิชานิติเวชศาสตร์ และ ††† ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์
มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ เชียงใหม่ 50002, ประเทศไทย.

Abstract

Objective: To study population database of the X-chromosome short tandem repeat (X-STR) loci have been extensively studied for human identification and paternity testing. They proved to be especially useful in kinship analysis of mother-son, father-daughter, daughters from the same biological father and grandmother-granddaughter relationship.

Material and Methods : Allele frequencies of the DXS101 locus were analyzed in 137 unrelated Northern Thai females. DNA from buccal swab was extracted using Chelex[®] method and amplified by PCR. Amplicons were separated on polyacrylamide gels and stained with silver staining. All found alleles were sequenced and combined to make an allelic ladder which was used as size standard for conventional genotyping.

Results : All eleven alleles (Alleles 19, 21 to 30) were found and sequenced. The polymorphic region contains of two types of trinucleotide repeat motifs, i.e. CTT and ATT. The Power of

discrimination in female (PD_F) and Male (PD_M) were 0.9493 and 0.8271, respectively; the Power of Exclusion in trio and in motherless cases were 0.8063 and 0.6920, respectively.

Conclusion: This locus was proved to be useful in forensic DNA work due to its high polymorphism and it was also found distributing in Hardy-Weinberg equilibrium.

Keywords: STR, X-chromosome, PCR, DXS101, Northern Thai population

บทคัดย่อ

วัตถุประสงค์ : เพื่อหาความถี่ของอัลลีลของ STR บนโครโมโซมเพศหญิง ตำแหน่ง DXS101 ของประชากรที่อาศัยอยู่ทางภาคเหนือของประเทศไทย

วัสดุและวิธีการศึกษา : เก็บตัวอย่างจากเซลล์เยื่อบุกระพุ้งแก้มหญิงไทยภาคเหนือจำนวน 137 คน ที่ไม่มีความสัมพันธ์เกี่ยวข้อกันทางสายเลือด มาสกัดดีเอ็นเอโดยใช้ Chelex แล้วเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมโดยเทคนิค PCR ตรวจสอบ PCR product โดยวิธี Polyacrylamide Gel Electrophoresis จากนั้นย้อมเจลด้วย Silver staining จนปรากฏแถบดีเอ็นเอ จากนั้นนำมาหาลำดับเบสสำหรับตัวอย่างต้นแบบเพื่อทำเป็น Allelic ladder เพื่อกำหนดลักษณะของอัลลีลต่าง ๆ ตามแบบสากล

ผลการศึกษา : พบว่า ในตำแหน่ง DXS101 ของประชากรหญิงที่ศึกษา ปรากฏ มี 11 อัลลีล โดยเริ่มจากอัลลีลที่ 19, อัลลีล 21 ถึง อัลลีล 30 ซึ่งประกอบด้วยชุดเบสซ้ำเป็นแบบ 3 เบส (Trinucleotide) 2 ชนิด คือ ชนิด CTT และ ATT เมื่อคำนวณค่ากำลังการแยกแยะพบว่ามีค่า Power of Discrimination ในหญิง (PD_F) และ ในชาย (PD_M) ได้เท่ากับ 0.9493 และ 0.8271 ตามลำดับ และผลการคำนวณค่ากำลังการคัดออก พบว่ามีค่า Power of Exclusion กรณีมาครบสามคน (PE trio) และ กรณีไม่มีแม่มาด้วย (PE motherless) เท่ากับ 0.8063 และ 0.6920 ตามลำดับ

สรุป : ตำแหน่งนี้มีประโยชน์ต่อการนำไปใช้ทางนิติวิทยาศาสตร์เนื่องจากมีความหลากหลายมากและยังอยู่ในสภาวะสมดุลของ Hardy-Weinberg ด้วย

คำสำคัญ: STR, PCR, DXS101, โครโมโซมเพศหญิง, ประชากรคนไทยภาคเหนือ

บทนำ

ปัจจุบันเทคโนโลยีเกี่ยวกับดีเอ็นเอ ถูกนำมาใช้ในการตรวจพิสูจน์เพื่อระบุยืนยันตัวบุคคลและใช้พิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดได้อย่างกว้างขวาง โดยเปรียบเทียบกับลักษณะของ ดีเอ็นเอที่มีรูปแบบเฉพาะ เป็นเอกลักษณ์ของแต่ละบุคคลเรียกว่า DNA profile^[1] ซึ่งโดยปกติจะได้รับมาจากบิดาและมารดาเท่า ๆ กัน ลักษณะนี้จึงสามารถบอกความจำเพาะของบุคคลและยังแสดงความสัมพันธ์ทางสายเลือด ปัจจุบันมีการประยุกต์ใช้เทคนิคการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมกับการตรวจดีเอ็นเอ ทำให้สามารถตรวจพิสูจน์ได้กับชีววัตถุ

พยานในคดีต่าง ๆ ที่พบในสถานที่เกิดเหตุ ซึ่งมักมีปริมาณน้อย เช่น เส้นผม เส้นขน คราบเลือด คราบอสุจิ^[2] เป็นต้น ดังนั้นดีเอ็นเอจึงมีความสำคัญและสามารถนำไปใช้ประโยชน์อย่างมากในงานทางนิติวิทยาศาสตร์

ลักษณะของ DNA profile แต่ละคนจะมีการเรียงตัวของลำดับเบสแตกต่างกัน ลักษณะนี้จะเป็นเอกลักษณ์เฉพาะของแต่ละบุคคล การตรวจดีเอ็นเอเพื่อพิสูจน์ความเป็น บัญชีบุคคล หรือการตรวจพิสูจน์ ความสัมพันธ์ทางสายเลือด ส่วนใหญ่จะทำการตรวจจากดีเอ็นเอที่เป็น Microsatellite หรือ Short Tandem Repeats (STRs) ซึ่งมีหน่วยซ้ำของเบส 1-6 คู่เบสโดยจำนวนซ้ำแต่ละตำแหน่งไม่เกิน 100 ครั้ง^[2] Satellite DNA ชนิด Microsatellite เป็นกลุ่ม ดีเอ็นเอที่แสดงความเป็น Polymorphism ระหว่างบุคคล ความเป็น Polymorphism เกิดจากจำนวนซ้ำที่ต่างกันระหว่างบุคคล ยกเว้นในกรณีฝาแฝดไข่ใบเดียวกันที่จะมี ลักษณะดีเอ็นเอเหมือนกัน จึงนำมาทำประโยชน์ในการสร้างตำแหน่งแผนที่ต่าง ๆ บนจีโนม^[3] และประยุกต์ใช้ในการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอที่เฉพาะของแต่ละบุคคลได้

การตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอส่วนมากใช้เทคนิค Polymerase Chain Reaction (PCR) สำหรับเพิ่มปริมาณ สารพันธุกรรม เพราะเทคนิค PCR ต้องการตัวอย่างดีเอ็นเอที่ใช้ตรวจจำนวนน้อย ใช้ระยะเวลาในการทดสอบ น้อย 2-3 ชั่วโมงเท่านั้น เทคนิค PCR นี้มีข้อดีที่ว่าไม่จำเป็นต้องทำให้ชิ้นดีเอ็นเอดังกล่าวให้บริสุทธิ์ก่อน สามารถแยกส่วนของดีเอ็นเอที่สนใจได้โดยไม่ต้องนำไปขยายเพิ่มปริมาณในเซลล์^[3]

การตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดบางกรณีที่มีความซับซ้อน เช่น พิสูจน์ความเป็นพี่น้องร่วม บิดาเดียวกันของลูกหญิงโดยบิดาไม่ได้มาร่วมตรวจด้วย หรือ ความสัมพันธ์ระหว่างย่ากับหลานสาว เป็นต้น กรณีดังกล่าวต้องอาศัยคุณสมบัติจำเพาะของโครโมโซมเพศหญิงที่ส่งผ่านจากย่าไปสู่พ่อและจากพ่อไปยังลูกสาวทุกคน ลักษณะดีเอ็นเอบนโครโมโซมเพศหญิง จะถูกถ่ายทอดไปด้วยตามลำดับชั้น ทำให้เราสามารถตรวจ เปรียบเทียบในลูกผู้หญิงทุกคนเพื่อบ่งชี้ความเป็นพี่น้องร่วมบิดาและบอกความสัมพันธ์ระหว่างย่าหลานสาวได้ อย่างไรก็ตามก่อนที่จะนำมาใช้ได้จริงจำเป็นต้องทราบความถี่ของอัลลีลต่าง ๆ ในดีเอ็นเอตำแหน่งนั้นก่อน เพื่อนำมาใช้เป็นข้อมูลในการคำนวณหาโอกาสความน่าจะเป็น (Likelihood Ratio) ทั้งในกรณีของการพิสูจน์ บุคคลและความสัมพันธ์ทางสายเลือด

วัตถุประสงค์และวิธีการศึกษา

1. ตัวอย่างประชากร

ตัวอย่างเซลล์เยื่อบุกระพุ้งแก้มจากอาสาสมัครเพศหญิงที่ไม่มีความสัมพันธ์ทางสายเลือด ซึ่งมี ภูมิภาคอาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย จำนวน 137 คน นำมาสกัดดีเอ็นเอด้วยวิธี Chelex^[4]

2. การสร้างอัลลีลมาตรฐาน (Allelic Ladder)

กลุ่มเลือกน้ำสกัดดีเอ็นเอจำนวนหนึ่งมาเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยเทคนิค Polymerase Chain Reaction (PCR) ในสารละลายปฏิกิริยาปริมาตร 15 ไมโครลิตร ประกอบด้วย 20 มิลลิโมลาร์ ของ Tris, pH 8.4, 50 มิลลิโมลาร์ ของ KCl, 1.5 มิลลิโมลาร์ ของ MgCl₂, 0.01% Bovine Serum Albumin, 0.05% Tween 20, 100 ไมโครโมลาร์ ของ dNTP แต่ละชนิด 4 ชนิด, 0.5 ไมโครโมลาร์ ของ Primers ทั้งสองตัว และเอนไซม์ Taq DNA polymerase 0.375 หน่วย หลอดปฏิกิริยาถูกนำเข้าเครื่องปรับเปลี่ยนอุณหภูมิ โดยตั้งค่าอุณหภูมิ ดังนี้ 95°C นาน 3 นาที 1 รอบ จากนั้นปรับไปที่อุณหภูมิ 94°C นาน 1 นาที, 62°C นาน 45 วินาที และ 72°C นาน 1.30 นาที รวมทั้งสิ้น 35 รอบ แล้วตามด้วยอุณหภูมิ 72°C นาน 3 นาที

สำหรับลำดับเบสของ Primers มีรายละเอียดดังนี้

Primer F: 5'-ACTCTAAATCAGTCCAAATATCT-3'

Primer R: 5'-AAATCACTCCATGGCACATGTAT-3'

ทำการตรวจสอบ PCR product ที่ได้ด้วย Polyacrylamide Gel Electrophoresis ซึ่งมีขนาดของวุ้น กว้าง 16 เซนติเมตร ยาว 20 เซนติเมตร และหนา 0.1 เซนติเมตร ความเข้มข้นของ Acrylamide โดยรวม เท่ากับ 8.5%^[4] เปรียบเทียบกับดีเอ็นเอขนาดมาตรฐาน (100 bp Ladder) และย้อมสีเจลด้วย Silver staining^[5] จนเห็นแถบดีเอ็นเอเป็นสีดำชัดเจน จากนั้นตัดแถบ ดีเอ็นเอขนาดต่างๆ ซึ่งอยู่ในช่วงที่กำหนด มาสกัดเอาดีเอ็นเอออกจากเจลด้วยวิธี Chelex และนำมาเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยเทคนิค PCR จากนั้น ตกตะกอนด้วยวิธี Isopropanol precipitation ละลายตะกอนในด้วย 10 มิลลิโมลาร์ Tris pH 8.5 นำ สารละลาย PCR product ประมาณ 5 ไมโครลิตร มาตรวจสอบปริมาณของดีเอ็นเอด้วย Agarose Gel Electrophoresis โดยดูจากความเข้มของแถบดีเอ็นเอ จากนั้นนำสารละลาย PCR product มาทำ Sequencing reaction ในสารละลายปฏิกิริยาปริมาตร 20 ไมโครลิตร ประกอบด้วยสารละลายดีเอ็นเอที่ต้องการหาลำดับดีเอ็นเอ 1.0 ไมโครลิตร, น้ำกลั่น 13.0 ไมโครลิตร, Dilution buffer 3.0 ไมโครลิตร, Big Dye Kit 2.0 ไมโครลิตร และ 3.2 μM Primer 1.0 ไมโครลิตร หลอดปฏิกิริยาถูกนำเข้าเครื่องปรับเปลี่ยนอุณหภูมิ โดยตั้งค่าอุณหภูมิ ดังนี้ 96°C นาน 1 นาที 1 รอบ จากนั้นปรับไปที่อุณหภูมิ 96°C นาน 10 วินาที, 50°C นาน 5 วินาที และ 60°C นาน 4 นาที รวมทั้งสิ้น 25 รอบ

สำหรับลำดับเบสของ Primer ที่ใช้ในการหาลำดับดีเอ็นเอมีรายละเอียดดังนี้

Primer F: 5'-ACTCTAAATCAGTCCAAATATCT-3'

เมื่อได้ Sequencing product นำมาตกตะกอนด้วย 100% Ethanol จากนั้น Denature DNA ที่ อุณหภูมิ 95°C นาน 2 นาที แล้ว Load sequencing product ปริมาตร 16 ไมโครลิตร เข้าเครื่อง Automated DNA sequencing เพื่อหาลำดับดีเอ็นเอของอัลลีลต่าง เพื่อกำหนดชนิดตามแบบสากล

3. การหาความถี่ของอัลลีลและการประเมินประสิทธิภาพของดีเอ็นเอตำแหน่ง DXS101 ในงานทางนิติวิทยาศาสตร์

นำน้ำสกัดดีเอ็นเอจากกลุ่มตัวอย่างทั้งหมดมาเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมแล้วตรวจ ลักษณะพันธุกรรม (Genotype) ด้วยการทำ Polyacrylamide Gel Electrophoresis เปรียบเทียบกับอัลลีลมาตรฐาน (Allelic ladder) ที่สร้างไว้ หลังจากย้อมสีเจลด้วย Silver staining จนเห็นแถบดีเอ็นเอชัดเจน กำหนดลักษณะพันธุกรรมของตัวอย่างต่าง ๆ นับจำนวนอัลลีลแต่ละอัน ทำการวิเคราะห์ข้อมูลและคำนวณค่ากำลังการแยกแยะ (Power of Discrimination: PD) ค่ากำลังการคัดออก (Power of Exclusion: PE)^[6] และ ค่า Heterozygosity (h)^[7] เพื่อประเมินประสิทธิภาพของตำแหน่ง DXS101 ในการที่จะนำไปประยุกต์ใช้ในงานทางด้านนิติวิทยาศาสตร์

ผลการศึกษา

ผลการสร้างอัลลีลมาตรฐาน (Allelic ladders) จากประชากรหญิง 137 คน พบ จำนวนอัลลีลในตำแหน่ง DXS101 ทั้งหมด 11 อัลลีล เมื่อตรวจหาลำดับเบสของอัลลีลดังกล่าวพบว่ามีจำนวนชุดเบสซ้ำ (Short Tandem Repeats) เป็นลักษณะ Trinucleotide repeat มี 2 แบบ คือ แบบ CTT และ ATT ดังแสดงในตาราง 1

แถบที่	Sequence Composition	Allele
1	P _F -N ₁₀ -(CTT) ₉ (ATT) ₁₀ -N ₅₃ -P _R	19
2	P _F -N ₁₀ -(CTT) ₁₇ (ATT) ₄ -N ₅₃ -P _R	21
3	P _F -N ₁₀ -(CTT) ₁₆ (ATT) ₆ -N ₅₃ -P _R	22
4	P _F -N ₁₀ -(CTT) ₁₇ (ATT) ₆ -N ₅₃ -P _R	23
5	P _F -N ₁₀ -(CTT) ₂₀ (ATT) ₄ -N ₅₃ -P _R	24
6	P _F -N ₁₀ -(CTT) ₁₈ (ATT) ₇ -N ₅₃ -P _R	25
7	P _F -N ₁₀ -(CTT) ₁₅ (ATT) ₁₁ -N ₅₃ -P _R	26
8	P _F -N ₁₀ -(CTT) ₁₇ (ATT) ₁₀ -N ₅₃ -P _R	27
9	P _F -N ₁₀ -(CTT) ₁₉ (ATT) ₉ -N ₅₃ -P _R	28
10	P _F -N ₁₀ -(CTT) ₁₉ (ATT) ₁₀ -N ₅₃ -P _R	29
11	P _F -N ₁₀ -(CTT) ₁₉ (ATT) ₁₁ -N ₅₃ -P _R	30

เมื่อ P_F : ACTCTAAATCAGTCCAAATATCT

P_R : ATACATGTGCCATGGAGTGATTT

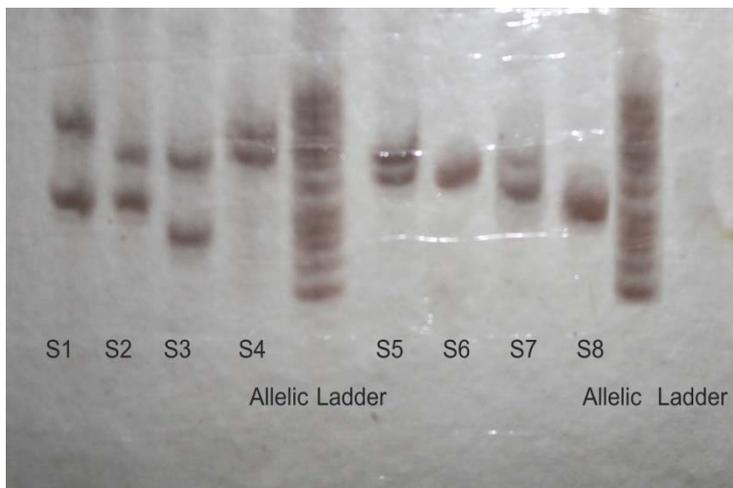
N₁₀ : TATTCATTTT

N₅₃ : ATACTTTAAGTTCTGGGATACATGCGCAGAATATGCAGGTTTGT

ACATAAGT

ตาราง 1 แสดงลักษณะของชุดเบสซ้ำที่พบในแต่ละอัลลีลของ Short Tandem Repeat ตำแหน่ง DXS101

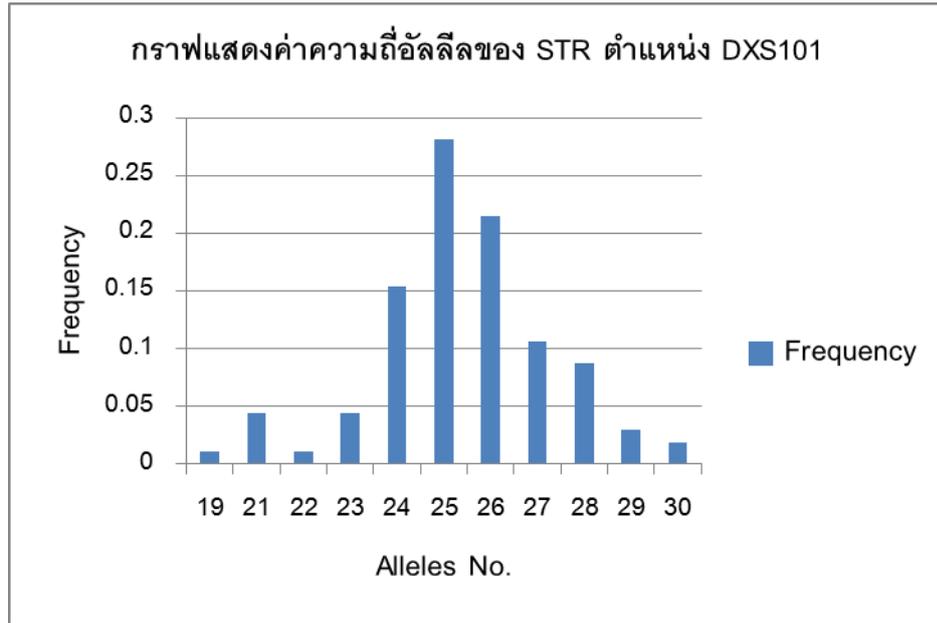
ผลการตรวจลักษณะดีเอ็นเอของ STR บนโครโมโซมเพศหญิงจากกลุ่มตัวอย่าง 137 คน พบว่าสามารถเก็บข้อมูลลักษณะดีเอ็นเอของ STR ตำแหน่ง DXS101 ดังแสดงในภาพ 1 และนับค่าความถี่ของอัลลีลต่างๆ ที่พบ ปรากฏดังแสดงในตาราง 2 และเมื่อนำความถี่ของอัลลีลมาสร้างกราฟการกระจายตัวจะได้กราฟดังแสดงในภาพ 2



ภาพ 1 แสดงลักษณะแถบดีเอ็นเอของตัวอย่างตรวจเทียบกับอัลลีลมาตรฐาน (Allelic ladders) ใน Short Tandem Repeat ตำแหน่ง DXS101

อัลลีลที่	จำนวน	ค่าความถี่
19	3	0.0110
21	12	0.0438
22	3	0.0110
23	12	0.0438
24	42	0.1533
25	77	0.2810
26	59	0.2153
27	29	0.1058
28	24	0.0876
29	8	0.0292
30	5	0.0183
รวม	274	1.0000

ตาราง 2 แสดงจำนวนและค่าความถี่ของแต่ละอัลลีลใน Short Tandem Repeat (STR) ตำแหน่ง DXS101 บนโครโมโซมเพศหญิง



ภาพ 2 แสดงค่าความถี่ของแต่ละอัลลีลของ STR ตำแหน่ง DXS101 บนโครโมโซมเพศหญิง

สำหรับประสิทธิภาพของ STR ตำแหน่ง DXS101 ในการตรวจพิสูจน์บุคคลและตรวจพิสูจน์ความเป็นบุพการี พบว่า ค่ากำลังการแยกแยะ (Power of Discrimination) และค่ากำลังการคัดออก (Power of Exclusion) ปรากฏในตาราง 3

Parameter	STRs DNA on X-chromosome locus DXS101
Observed heterozygosity	0.8394
Expected heterozygosity	0.8301
Hardy-Weinberg Equilibrium	0.3041
Power of discrimination in female	0.9493
Power of discrimination in male	0.8271
Power of exclusion in trio	0.8063
Power of exclusion in motherless	0.6920

ตาราง 3 แสดงค่ากำลังการแยกแยะและค่ากำลังการคัดออกของ STR ตำแหน่ง DXS101

อภิปรายผลการศึกษา

จากการวิเคราะห์ค่าความถี่ของอัลลีลของ STR ตำแหน่ง DXS101 บนโครโมโซมเพศหญิง ในกลุ่มประชากรเพศหญิงที่อาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย ที่ไม่มีความสัมพันธ์ทางสายเลือด จำนวน 137 คน โดยทำการเก็บตัวอย่างเซลล์เยื่อบุกระพุ้งแก้ม มาทำการสกัดดีเอ็นเอ โดยวิธี Chelex จากนั้นทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยเทคนิค PCR แล้วตรวจสอบขนาด PCR product ที่ได้ด้วยวิธี Polyacrylamide Gel

Electrophoresis พบว่า ตำแหน่ง DXS101 มีจำนวนอัลลีล 11 อัลลีล โดยเริ่มจากอัลลีลที่ 19, อัลลีล 21 ถึง อัลลีล 30 และพบว่าอัลลีลที่ 25 มีความถี่สูงสุดคือเท่ากับ 0.2810 อัลลีล 19 และอัลลีล 22 มีความถี่น้อยที่สุดคือเท่ากับ 0.0110 จากการหาลำดับเบสด้วยเครื่องอัตโนมัติ พบว่าตำแหน่ง DXS101 มีจำนวนชุดเบสซ้ำ (Short Tandem Repeats) เป็น Trinucleotide จำนวน 2 แบบ คือ แบบ CTT และ ATT ทั้งนี้ข้อมูลที่ได้จากการศึกษาวิจัยยังสอดคล้องกับกลุ่มประชากรชาติพันธุ์ Han ที่อาศัยอยู่ทางตอนเหนือของประเทศจีน^[8] และกลุ่มประชากรชาว Galician ที่อาศัยอยู่ทางตอนเหนือของสเปน^[9]

สำหรับประสิทธิภาพของดีเอ็นเอตำแหน่งดังกล่าว เมื่อนำมาใช้กับประชากรภาคเหนือจะสูงมาก โดยดูได้จากค่ากำลังการแยกแยะ (Power of Discrimination: PD) และค่ากำลังการคัดออก (Power of Exclusion: PE) จะเห็นว่าค่ากำลังการแยกแยะในประชากรหญิง (Power of Discrimination in Females: PD_F) และค่ากำลังการแยกแยะในประชากรชาย (Power of Discrimination in Males: PD_M) มีค่าเท่ากับ 0.9493 และ 0.8271 ตามลำดับ ซึ่งมีค่าใกล้เคียงกับประชากรของเกาหลี ที่มีค่าเท่ากับ 0.940 และ 0.818^[10] ตามลำดับ จากนั้นคำนวณค่ากำลังการคัดออก (Power of Exclusion: PE) สำหรับกรณีมาครบสาม (trio) มีค่าเท่ากับ 0.8063 และกรณีที่ไม่มีแม่มาตรวจด้วย (motherless) มีค่าเท่ากับ 0.6920 จากข้อมูลข้างต้นแสดงว่า STR ตำแหน่ง DXS101 มีประโยชน์ในการตรวจพิสูจน์ทางนิติวิทยาศาสตร์อย่างมาก

นอกจากนี้เมื่อหาค่า Heterozygosity (H_{observe}) ที่ได้จากการสังเกต พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.8394 หรือ 83.94% ซึ่งมีค่าใกล้เคียงกับประชากรเกาหลีที่มีค่า Heterozygosity (H_{observe}) เท่ากับ 0.834 หรือ 83.4%^[10] ส่วนค่า Heterozygosity (H_{expect}) ที่ได้จากการคาดหวังที่คำนวณตามสูตร^[7] มีค่าเท่ากับ 0.8301 ± 0.0321 หรือ $83.01 \pm 3.21\%$ และเมื่อนำมาทดสอบ Hardy-Weinberg Equilibrium โดยใช้การวิเคราะห์ทางสถิติ (X^2 : Chi-Square)^[11] พบว่าจำนวนลักษณะพันธุกรรม (Genotype) ที่ได้จากการสังเกต (n_{observe}) และจำนวนลักษณะพันธุกรรม (Genotype) ที่คาดหวัง (n_{expect}) ไม่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ ($p=0.3041$) หรือกล่าวได้ว่าจำนวนลักษณะพันธุกรรม (Genotype) ที่สังเกต (n_{observe}) มีการกระจายตัวเป็นไปตามกฎความสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg Equilibrium) จึงเชื่อได้ว่าวิธีการหรือเทคนิคที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอ และการเลือกกลุ่มตัวอย่างในการวิจัยนี้เป็นไปอย่างถูกต้องและเหมาะสม ดังนั้นจึงสามารถใช้เทคนิคนี้ในการตรวจวิเคราะห์ความถี่ของอัลลีลของ STR ตำแหน่ง DXS101 บนโครโมโซมเพศหญิงได้

สรุป

ได้ทำการศึกษา STR ตำแหน่ง DXS101 ในประชากรหญิงไทยภาคเหนือ จำนวน 137 ราย พบว่ามีความหลากหลายของลักษณะทางพันธุกรรมสูง รวมทั้งการกระจายตัวของลักษณะทางพันธุกรรมเป็นไปตาม

กฎความสมดุลฮาร์ดี-ไวนเบิร์ก (Hardy-Weinberg Equilibrium) สามารถนำไปประยุกต์ใช้ในทางด้านนิติวิทยาศาสตร์ได้เป็นอย่างดี**กิตติกรรมประกาศ**

ผู้วิจัยขอขอบคุณห้องปฏิบัติการอณูพยาธิวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ และห้องปฏิบัติการพันธุศาสตร์ ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ที่กรุณาให้ยืมใช้สถานที่และเครื่องมือสำหรับทำวิจัยครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

1. ธานินทร์ ภูพัฒน์. วิทยาการดีเอ็นเอในงานนิติเวช. พิมพ์ครั้งที่ 1. เชียงใหม่: ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, 2538.
2. วิชัย บุญแสง, อัญชลี ทัศนชาจร, ชัยณรงค์ วงศ์ธีรทรัพย์, นุสวา สิทธิดิถรัตน์, และสกล พันธุ์ยิ้ม. ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ...จากสารพันธุกรรมสู่เทคโนโลยีพิสูจน์บุคคล. พิมพ์ครั้งที่ 1. กรุงเทพฯ: สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ, 2541.
3. อมรา คัมภีรานนท์. "เทคนิคทางพันธุศาสตร์โมเลกุลและการประยุกต์ใช้ด้านเวชพันธุศาสตร์". ใน อมรา คัมภีรานนท์ (บก.), พันธุศาสตร์มนุษย์ (หน้า 202), พิมพ์ครั้งที่ 2. เท็กซ์ แอนด์ เจอร์นัล พับลิเคชัน จำกัด, 2546.
4. วิชुरัย ทะสุยะ และ ธานินทร์ ภูพัฒน์. SOP DNA Analysis for Forensic Medicine. เชียงใหม่: ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, 2005.
5. Budowle B., Chakraborty R., Giusti A.M., Eisenberg A.J., Allen R.C. Analysis of the VNTR Locus D1S80 by PCR followed by High-Resolution PAGE. Am J Hum Genet. 1991; 48: 137-44.
6. Zarrabeitia M.T., Alonso A., Zarrabeitia A., Castro A., Fernandez I., Martinez de Pancorbo M. X-Linked Microsatellites in Two Northern Spain Populations. Forensic Sci Int. 2004; 145: 57-9.
7. Bhoopat T., Steger H.F. Frequency Distribution of D1S80 Alleles in the Northern Thai Population Analyzed by Amplified Fragment Length Polymorphism Technique. Forensic Sci Int. 1996; 81: 149-55.
8. Yu B., Zhang H., Li S. X- Chromosome STRs Polymorphisms of Han Ethnic Group from Northwest China. Forensic Sci Int. 2005; 153: 269-71.
9. Gomes I., Carracedo A., Amorim A., Gusmao L. A Multiplex PCR Design of Simultaneous Genotyping of X Chromosome Short Tandem Repeat Markers. Int Congress Series. 2006; 1288: 313-5.
10. Shin S.H., Yu J.S., Park S.W., Min G.S., Chung K.W. Genetic Analysis of 18 X-Linked Short Tandem Repeat Markers in Korean Population. Forensic Sci Int. 2005; 147: 35-41.
11. ดาวรุ่ง กังวานพงศ์. พันธุศาสตร์. พิมพ์ครั้งที่ 1. ห้างหุ้นส่วนจำกัด เชียงใหม่บิสเนสเซ็นเตอร์ แอนด์ สตูดิโอ, 2546.