

**Population data on polymorphism of STR locus D21S1412 in Thai population  
for forensic application**

**การศึกษาข้อมูลพหุสัณฐานของไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412  
ในประชากรไทย สำหรับการประยุกต์ใช้ในทางนิติวิทยาศาสตร์**

Valaimon Vimolprasan, B.Sc.\*, Visutr Fongsiripaibul, M.D.\*, Komon Luangtrakool, Ph.D.\*\*\*, Nitikorn Poriswanish M.D.\*

\*Department of Forensic Medicine and \*\*Department of Transfusion Medicine, Faculty of Medicine Siriraj Hospital, Mahidol University, Bangkok 10700, Thailand.

วัลย์มน วิมลประสาร วท.บ.†, วิสูตร ฟองศิริไพบูลย์ พ.บ.†, โกมล หลวงตระกูล ประ.ด.††, นิตกร โปริสวานิชย์ พ.บ.†

† ภาควิชานิติเวชศาสตร์ และ †† ภาควิชาเวชศาสตร์การธนาคารเลือด คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล กรุงเทพฯ 10700, ประเทศไทย.

**Abstract**

**Objective:** To study and make a national database of the allele frequency and other statistic parameters of STR locus D21S1412 in Thai population for forensic application.

**Materials and Methods:** Blood samples from 250 unrelated Thai individuals were collected. DNA analysis was performed to the final step using capillary electrophoresis by ABI PRISM® 3130 Genetic Analyzer. Allelic ladder was made by compiling the possible alleles and confirmed by direct sequencing.

**Results:** The data showed a total number of 22 different alleles. Allele frequencies ranged from 0.002 (in allele 27.7 and 28.2) to 0.170 (in allele 23.2). The heterozygosity, the power of discrimination and the power of exclusion were calculated as 0.868, 0.971 and 0.731 respectively. No significant deviation from Hardy–Weinberg equilibrium was found.

**Conclusion:** D21S1412 was reported as one of the best markers in Asian population and the study was found that it was quite a good marker in the Thai, too. This study would be used as a national database for a forensic use.

**Keywords:** Forensic DNA Typing, STR, D21S1412, Thai Population

**บทคัดย่อ**

**วัตถุประสงค์:** เพื่อหาค่าความถี่ของอัลลีล การกระจายตัวของจีโนไทป์และพารามิเตอร์ทางสถิติอื่นๆของไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412 เพื่อจัดทำฐานข้อมูลทางนิติวิทยาศาสตร์ของประชากรไทย

**วัสดุและวิธีการศึกษา:** สุ่มเลือกกลุ่มตัวอย่างที่ไม่มีความเกี่ยวข้องกันทางสายเลือดจำนวน 250 คน ตรวจวิเคราะห์ด้วย PCR และแคปิลารีอิเล็กโทรโฟรีซิสโดยเครื่องวิเคราะห์สารพันธุกรรมอัตโนมัติ ABI PRISM® 3130 และรวบรวมดีเอ็นเอที่ใช้เป็นอัลลีลมาตรฐาน ซึ่งยืนยันผลโดยการทำ direct sequencing

**ผลการศึกษา:** พบว่า ไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412 ในประชากรไทยมี 22 อัลลีล ซึ่งมีความถี่อยู่ระหว่าง 0.002 (อัลลีล 27.2 และ 28.2) ถึง 0.170 (อัลลีล 23.2) การจากคำนวณพบว่าค่า heterozygosity เท่ากับ 0.868 ค่ากำลังการแยกแยะ เท่ากับ 0.971 และค่ากำลังการคัดออก เท่ากับ 0.731 การกระจายตัวของจีโนไทป์เป็นไปตามกฎของ Hardy–Weinberg equilibrium

**สรุป:** ตำแหน่ง D21S1412 มีประโยชน์ในการตรวจวิเคราะห์ทางนิติวิทยาศาสตร์สำหรับประชากรเอเชียและคนไทย

**คำสำคัญ:** การตรวจ DNA ทางนิติวิทยาศาสตร์, ฐานข้อมูล DNA, D21S1412, ประชากรไทย

## บทนำ

ก่อนหน้านี้เครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ใช้ในงานทางนิติวิทยาศาสตร์ในการตรวจพิสูจน์บุคคลและการตรวจความสัมพันธ์พ่อแม่ลูก ได้แก่ การตรวจหมู่เลือด การตรวจหมู่ HLA และการตรวจความหลากหลายของโปรตีนและเอนไซม์ เป็นต้น ซึ่งมีข้อจำกัดจากหลายปัจจัย เช่น ตัวอย่างทางนิติวิทยาศาสตร์ที่มีจำนวนค่อนข้างน้อย มีการเสื่อมสภาพ และสิ่งส่งตรวจหลากหลายประเภท เมื่อมีการค้นพบความหลากหลายของดีเอ็นเอในส่วนที่มีการเรียงตัวของเบสซ้ำ (repetitive DNA) ทำให้การตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอกลายเป็นวิธีมาตรฐานในงานทางนิติวิทยาศาสตร์

ปัจจุบันนิยมตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอในส่วนของไมโครแซทเทลไลท์ (microsatellites) หรือ Short Tandem Repeats (STR) โดยเทคนิค Polymerase Chain Reaction (PCR) และวิเคราะห์ด้วยเครื่องวิเคราะห์สารพันธุกรรมอัตโนมัติ (Genetic Analyzer) ซึ่งเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ (DNA microsatellite marker) ที่ได้รับคำแนะนำและเป็นที่ใช้กันอย่างแพร่หลาย คือ STR 13 ตำแหน่ง ที่ตำรวจสอบสวนกลางของสหรัฐอเมริกาหรือ FBI (Federal Bureau of Investigation) เลือกลงและเก็บไว้เป็นฐานข้อมูลที่เรียกว่า CODIS (Combined DNA Index System) จนมีการผลิตออกมาในรูปแบบของชุดตรวจสำเร็จรูป และมีการพัฒนาต่อจนปัจจุบันสามารถตรวจวิเคราะห์ได้ 15-17 ตำแหน่งบวกการตรวจระบุเพศอีกหนึ่งตำแหน่งรวมเป็น 16 ตำแหน่ง

อย่างไรก็ตามจากการศึกษาที่ผ่านมาพบว่า บางตำแหน่งบนชุดตรวจสำเร็จรูปให้ค่าความหลากหลายทางพันธุกรรม (genetic polymorphism) ต่ำ<sup>1-4</sup> จนบางครั้งการตรวจโดยอาศัยเพียงตำแหน่งบนชุดตรวจสำเร็จรูปเพียงอย่างเดียวไม่เพียงพอ<sup>5,6</sup> จึงได้มีการศึกษาหาตำแหน่ง STR เพิ่มเติม เพื่อช่วยเพิ่มอำนาจการทดสอบในกรณีเกิดการกลายพันธุ์ หรือการตรวจความสัมพันธ์ทางเครือญาติที่ซับซ้อน<sup>7-11</sup>

ก่อนที่จะนำตำแหน่ง STR เพิ่มเติมมาใช้ จึงจำเป็นต้องทราบค่าความถี่ของอัลลีลต่างๆที่ปรากฏในตำแหน่งนั้น จากประชากรที่สนใจสำหรับทำเป็นฐานข้อมูล (database) ก่อน เพื่อนำมาใช้ในการคำนวณหาโอกาสความสัมพันธ์ทางสายเลือด และอ้างอิงในการพิสูจน์บุคคลได้อย่างถูกต้องและแม่นยำที่สุด

## วัสดุและวิธีการศึกษา

### 1. ตัวอย่างและการเก็บตัวอย่าง

1.1 กลุ่มตัวอย่าง: ประชากรไทย ที่ไม่มีความเกี่ยวข้องกันทางสายเลือดจำนวน 250 คน

1.2 วิธีเก็บตัวอย่าง: เก็บตัวอย่างเลือดจากศพที่ส่งตรวจวิเคราะห์ที่หน่วยนิติซีโรโลยี ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล โดยแบ่งออกเป็น 4 กลุ่มตามภูมิภาคของประเทศ

### 2. การสร้างอัลลีลมาตรฐาน (allelic ladders)

สกัดดีเอ็นเอจากเลือดของกลุ่มตัวอย่างด้วย QIAamp<sup>®</sup> DNA Micro Kit จากนั้นนำมาเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยเทคนิค Polymerase Chain Reaction (PCR) ด้วยปริมาตรรวม 25 µl ในสารละลายปฏิกิริยาที่ประกอบด้วย sterile water 14.8 µl, 10X PCR buffer 3.7 µl, DMSO 2.5 µl, 25 mM dNTPs 0.25 µl, 50 mM MgCl<sub>2</sub> 1.5 µl, 5 U Taq DNA polymerase (New England Biolabs, MA) 0.25 µl และ 25 mM primer mix 1 µl โดย primer mix มีลำดับเบสดังนี้

Forward primer (F) : 5'- [FAM]-CGGAGGTTGCAGTGAGTTG -3'

Reverse primer (R) : 5'- GGAAGGCTATGGAGGAGA -3'

หลอดปฏิกิริยาถูกนำเข้าเครื่องปรับเปลี่ยนอุณหภูมิ โดยตั้งค่าอุณหภูมิ ดังนี้: 94 °C นาน 5 นาที 1 รอบ จากนั้นปรับไปที่อุณหภูมิ 94 °C นาน 40 วินาที, 59 °C นาน 1 นาที และ 72 °C นาน 1 นาที รวมทั้งสิ้น 30 รอบ โดยในรอบสุดท้าย ปรับตั้งที่ 60 °C นาน 30 นาที

นำดีเอ็นเอที่เพิ่มจำนวนมาตรวจวิเคราะห์ผลที่ได้จากการแยกชิ้นส่วนด้วย capillary electrophoresis กับเครื่อง ABI PRISM<sup>®</sup> 3130 Genetic Analyzer โดยผสมกับ GeneScan<sup>®</sup>-500 LIZ<sup>™</sup> internal size standard (Applied Biosystems) และ Hi-Di<sup>™</sup> formamide (Applied Biosystems) จากนั้นเลือกตัวอย่างที่ใช้สำหรับสร้างเป็นอัลลีลมาตรฐานมาเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยเทคนิค PCR ในปริมาตรและอุณหภูมิเช่นเดียวกัน แต่ใช้ primer ที่ไม่ติดฉลากสีฟลูออเรสเซนต์ ทำการแยกแถบดีเอ็นเอใน 3% agarose ที่ย้อมด้วย ethidium bromide และตัดแถบดีเอ็นเอภายใต้แสงอุลตราไวโอเล็ต

ทำดีเอ็นเอให้บริสุทธิ์หรือออกจากเจลโดยใช้ Nucleospin<sup>®</sup> Extract II Kit จากนั้นทำ DNA sequencing กับชุด BigDye<sup>™</sup> Terminator Kit v. 3.1 ด้วยปริมาตรรวม 20 µl ในสารละลายปฏิกิริยาประกอบด้วย purified DNA 4 µl, sterile water 7 µl, 5X buffer 6 µl, BigDye<sup>™</sup> 2 µl และ 3.2 pmol primer 1 µl หลอดปฏิกิริยาถูกนำเข้าเครื่องปรับเปลี่ยนอุณหภูมิภายใต้อุณหภูมิเช่นเดิม

สำหรับลำดับเบสของ D21S1412 ที่ใช้เป็น primer มีรายละเอียดดังนี้

Reverse Primer (R): 5'- GGGAAGGCTATGGAGGAGA -3'

เมื่อได้ sequencing product แล้ว นำมาตกตะกอนด้วยวิธี ethanol/EDTA/sodium acetate จากนั้นเติม 12  $\mu$ l Hi-Di™ formamide (Applied Biosystems) แล้ววิเคราะห์ด้วยเครื่อง ABI PRISM®3130 Genetic Analyzer เพื่อหาจำนวนชุดเบสซ้ำ (tandem repeat) สำหรับการกำหนดชนิดของอัลลีลตามมาตรฐานสากล

3. การหาความถี่ของอัลลีลและการประเมินประสิทธิภาพของดีเอ็นเอตำแหน่ง D21S1412 ในงานทางนิติวิทยาศาสตร์

นำดีเอ็นเอของกลุ่มตัวอย่างทั้งหมดมาเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR จากนั้นตรวจสอบผล PCR จากการแยกดีเอ็นเอด้วย capillary electrophoresis กับเครื่อง ABI PRISM® 3130 Genetic Analyzer โดยผสมกับ GeneScan®-500 LIZ™ internal size standard (Applied Biosystems) และ Hi-Di™ formamide (Applied Biosystems) เปรียบเทียบกับอัลลีลมาตรฐาน (allelic ladder) ที่สร้างไว้ นับจำนวนอัลลีลต่างๆที่พบในตัวอย่าง และหาความถี่ของแต่ละอัลลีล นำข้อมูลที่ได้มาวิเคราะห์และคำนวณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรโดยใช้โปรแกรม PowerStats V1.2<sup>12</sup> ทดสอบการเบี่ยงเบนจากสมมติฐานของ ฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก โดยใช้โปรแกรม GenePop 4.0.10<sup>13</sup> และทดสอบความแตกต่างของความถี่อัลลีลระหว่างประชากรแต่ละภูมิภาคโดยการคำนวณค่าสัมประสิทธิ์  $F_{ST}$ <sup>14</sup> เพื่อประเมินประสิทธิภาพของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412

## ผลการศึกษา

ผลการสร้างอัลลีลมาตรฐาน (allelic ladders) พบว่าไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412 ในคนไทย มี 22 อัลลีล เมื่อหาลำดับเบสพบว่าแต่ละอัลลีลมีชุดเบสซ้ำที่มีรูปแบบการซ้ำชนิดซับซ้อน (complex motif) มีชุดเบส GAAA เป็นโครงสร้างหลัก แทรกด้วย GA, AA หรือ A ดังแสดงในตารางที่ 1

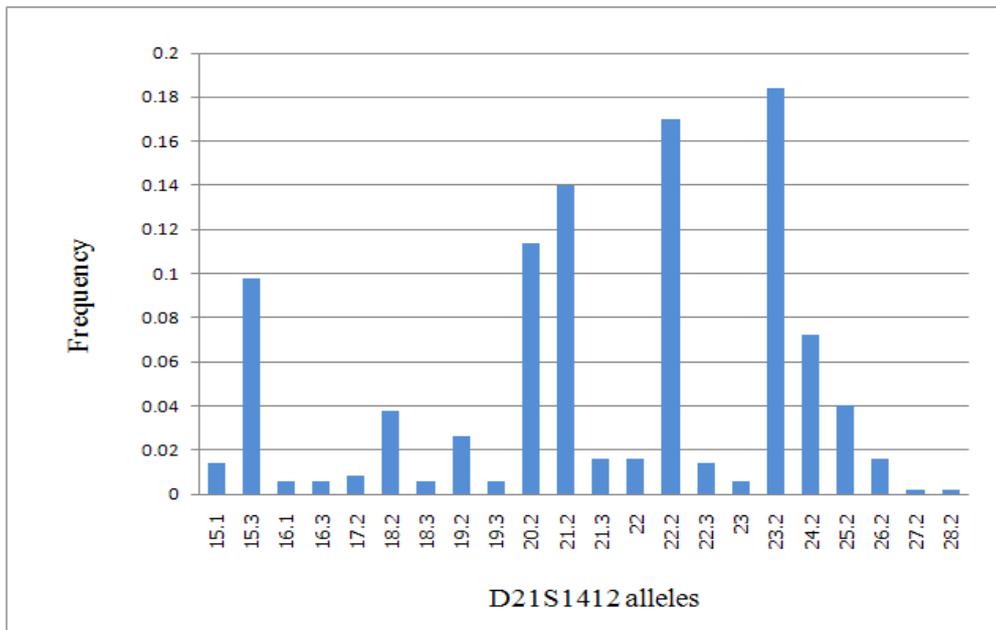
ผลการวิเคราะห์ลักษณะดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์จากกลุ่มตัวอย่าง 250 ราย สามารถเก็บข้อมูลลักษณะดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412 และนับค่าความถี่ของอัลลีลต่างๆ ที่พบ ปรากฏดังแสดงในตารางที่ 2 และภาพที่ 1

อัลลีล	ขนาด (bp)	(GAAA) <sub>m</sub>	(GA) <sub>n</sub>	(GAAA) <sub>o</sub>	N <sup>*</sup>	(GAAA) <sub>p</sub>	จำนวน sequenced allele
15.1	389	1	8	7	A	3	2
15.3	391	2	7	7	A	3	5
16.1	393	1	8	8	A	3	1
16.3	395	2	7	8	A	3	1
17.2	398	5	7	9			1
18.2	402	4	7	11			2
18.3	403	2	7	10	A	3	1
19.2	406	4	9	11			1
19.3	407	2	7	11	A	3	2
		4	7	13			1
20.2	410	4	9	12			1
		5	7	12			1
		4	9	13			1
21.2	414	5	7	13			4
21.3	415	2	7	13	A	3	1
22	416	5	7	9	AA	4	1
		4	7	15			1
22.2	418	5	7	14			1
22.3	419	4	7	12	A	3	1
23	420	5	7	10	AA	4	1
23.2	422	4	9	15			2
		5	7	16			2
24.2	426	6	7	15			1
25.2	430	6	7	16			1
26.2	434	6	7	17			1
27.2	438	5	7	19			1
28.2	442	6	7	19			1

ตารางที่ 1 แสดงช่วงการซ้ำของชุดเบสของแต่ละอัลลีล ของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412

อัลลีล	จำนวน	ค่าความถี่
15.1	7	0.014
15.3	49	0.098
16.1	3	0.006
16.3	3	0.006
17.2	4	0.008
18.2	19	0.038
18.3	3	0.006
19.2	13	0.026
19.3	3	0.006
20.2	57	0.114
21.2	70	0.140
21.3	8	0.016
22	8	0.016
22.2	85	0.170
22.3	7	0.014
23	3	0.006
23.2	92	0.184
24.2	36	0.072
25.2	20	0.040
26.2	8	0.016
27.2	1	0.002
28.2	1	0.002
Total	500	1.000

ตารางที่ 2 แสดงจำนวนและค่าความถี่ของอัลลีลของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412



ภาพที่ 1 แสดงค่าความถี่และการกระจายตัวของแต่ละอัลลีลของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412

สำหรับประสิทธิภาพของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412 ในการตรวจพิสูจน์บุคคลและพิสูจน์บุตร รวมไปถึงทดสอบการเบี่ยงเบนจากสมดุลของ ฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กและทดสอบความแตกต่างของความถี่อัลลีลระหว่างประชากรแต่ละภูมิภาค ปรากฏในตารางที่ 3

ค่าทางสถิติของฐานข้อมูลดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412	
Observed Heterozygosity ( $H_o$ )	0.8680
Expected Heterozygosity ( $H_e$ )	0.8847
Polymorphism information content (PIC)	0.870
Power of discrimination (PD)	0.971
Power of exclusion (PE)	0.731
Matching probability (MP)	0.029
Paternity index (PI)	3.79
HWE: Fisher-Exact test ( $n \leq 5$ )	$p = 0.1682$
Fixation index ( $F_{ST}$ )	0.0092

ตารางที่ 3 แสดงค่าพารามิเตอร์ที่สำคัญทางสถิติของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412

## อภิปรายผลการศึกษา

จากการวิเคราะห์ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ตำแหน่ง D21S1412 จากตัวอย่างประชากรไทยที่ไม่มีความเกี่ยวข้องกันทางสายเลือดจำนวน 250 คน โดยการใช้เทคนิค PCR ในการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ และวิเคราะห์ขนาดของดีเอ็นเอจากการแยกด้วยกระแสไฟฟ้าโดยวิธี capillary electrophoresis โดยเครื่อง ABI PRISM® 3130 Genetic Analyzer พบว่าดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ตำแหน่ง D21S1412 มีอัลลีลทั้งหมด 22 อัลลีล เริ่มจากอัลลีลที่ 15.1 ที่ขนาด 389 bp ถึงอัลลีลที่ 28.2 ที่ขนาด 442 bp โดยพบว่าอัลลีลที่ 23.2 มีความถี่มากที่สุดคือ 0.184 และ อัลลีลที่ 27.2 กับ 28.2 มีค่าความถี่น้อยที่สุดเท่ากับ 0.002 เมื่อเปรียบเทียบข้อมูลที่ได้จากการศึกษานี้กับการศึกษาก่อนหน้าในประชากรเกาหลี<sup>11</sup> พบอัลลีลเพิ่มเติมในประชากรไทยคือ 15.1, 16.1, 18.3, 21.2, 27.2 และ

28.2 แต่ไม่พบอัลลีล 14.3, 21 และ 24 อย่างไรก็ตามพบว่าค่าความถี่และการกระจายตัวของอัลลีลมีความสอดคล้องกัน

นอกจากนี้พบว่ามีลักษณะทางพันธุกรรม (genotype) มากที่สุดคือ 22.2 / 23.2 โดยมีค่าความถี่เท่ากับ 0.156 และพบลักษณะทางพันธุกรรมน้อยที่สุดมีหลายแบบ คือ 15.1 / 17.2, 16.3 / 19.2, 21.3 / 21.3, 21.3 / 22.3, 22.3 / 26.2 และ 24.2/28.2 โดยมีค่าความถี่เท่ากับ 0.001

เมื่อนำข้อมูลลักษณะทางพันธุกรรม (genotype) ในดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ตำแหน่ง D21S1412 ของกลุ่มประชากรไทยมาคำนวณค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากร พบว่าค่า Observed Heterozygosity ( $H_o$ ) มีค่าเท่ากับ 0.8680 และ ค่า Expected Heterozygosity ( $H_e$ ) มีค่าเท่ากับ 0.8847 ซึ่งค่าที่ได้ใกล้เคียงกับรายงานในกลุ่มประชากรเกาหลี<sup>11</sup> ที่รายงานไว้ว่ามีค่าเท่ากับ 0.850 และ 0.876 ตามลำดับ แสดงให้เห็นว่าที่ตำแหน่งนี้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง (> 70%)<sup>15</sup>

เมื่อนำคำนวณค่ากำลังการแยกแยะ (power of discrimination : PD) พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.971 โดยคำนวณถึงโอกาสที่จะเลือกคนสองคนโดยสุ่มแล้วจะได้ genotype ของดีเอ็นเอตำแหน่งดังกล่าวต่างกันคือ 97.10% หรือจะกล่าวอีกทางหนึ่งว่า โอกาสที่จะพบว่าคนสองคนมี genotype ของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง D21S1412 ตรงกันโดยบังเอิญเท่ากับ 2.9% ซึ่งค่าที่ได้ใกล้เคียงกับรายงานในกลุ่มประชากรเกาหลี ที่รายงานไว้ว่ามีค่าเท่ากับ 0.965 และเมื่อรวมค่ากำลังการแยกแยะของตำแหน่ง D21S1412 เข้ากับตำแหน่งที่มีบน AmpFISTR® Identifiler® kit จากการศึกษาก่อนหน้าในกลุ่มประชากรไทย<sup>4</sup> พบว่าค่า combined power of discrimination สูงขึ้นจากเดิม  $7.01 \times 10^{-18}$  เป็น  $6.81 \times 10^{-18}$

เมื่อนำคำนวณค่ากำลังการคัดออก (power of exclusion: PE) พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.731 โดยคำนวณถึงความสามารถในการขจัดบุคคลที่มีรูปแบบดีเอ็นเอเหมือนออกจากกัน ซึ่งค่าที่ได้ใกล้เคียงกับรายงานในกลุ่มประชากรเกาหลี ที่รายงานไว้ว่ามีค่าเท่ากับ 0.695 และเมื่อรวมค่ากำลังการคัดออกของตำแหน่ง D21S1412 เข้ากับตำแหน่งที่มีบน AmpFISTR® Identifiler® kit จากการศึกษาก่อนหน้าในกลุ่มประชากรไทย<sup>4</sup> พบว่าค่า The combine power of exclusion มีความน่าเชื่อถือสูงขึ้นจากเดิม 0.999999545 เป็น 0.999999668

เมื่อทดสอบการเบี่ยงเบนจากสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (HWE) โดยวิธี Markov chain ไม่พบการเบี่ยงเบนไปจากสมดุล โดยค่า p-value มีค่าเท่ากับ 0.1682 ( $p > 0.05$ ) แสดงว่าเทคนิคที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอและการเลือกกลุ่มตัวอย่างของการวิจัยครั้งนี้เป็นไปอย่างถูกต้องเหมาะสม และไม่พบความแตกต่างของความถี่อัลลีลระหว่างประชากรแต่ละภูมิภาค โดยค่า  $F_{ST}$  มีค่าเท่ากับ 0.0092 ( $F_{ST}$  เข้าใกล้ 0)

## สรุป

จากข้อมูลการศึกษาดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ตำแหน่ง D21S1412 ในตัวอย่างประชากรไทย ให้ค่า heterozygosity ค่ากำลังการแยกแยะ (PD) และค่ากำลังการคัดออก (PE) ที่ค่อนข้างสูงเมื่อเปรียบเทียบกับตำแหน่งที่มีใช้กันอยู่ในงานประจำวัน ไม่พบการเบี่ยงเบนไปจากสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก แสดงให้เห็นว่า

สามารถใช้ไมโครแซทเทลไลท์ ตำแหน่ง D21S1412 เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอเพิ่มเติมในการตรวจวิเคราะห์ ในกรณีเกิดการกลายพันธุ์หรือในการตรวจความสัมพันธ์ทางเครือญาติที่ซับซ้อนได้ดียิ่งขึ้นในประชากรไทย

## เอกสารอ้างอิง

1. Butler JM, Schoske R, Vallone PM, Redman JW, Kline MC. Allele frequencies for 15 autosomal STR loci on U.S. Caucasian, African American, and Hispanic populations. *J Forensic Sci.* 2003; 48(4):908-11.
2. Kim YL, Hwang JY, Kim YJ, Lee S, Chung NG, Goh HG, Kim CC, Kim DW. Allele frequencies of 15 STR loci using AmpF/STR Identifier kit in a Korean population. *Forensic Sci Int.* 2003; 136(1-3):92-5.
3. Wang ZY, Yu RJ, Wang F, Li XS, Jin TB. Genetic polymorphisms of 15 STR loci in Han population from Shaanxi (NW China). *Forensic Sci Int.* 2005; 147(1):89-91.
4. Rerkamnuaychoke B, Rinthachai T, Shotivaranon J, Jomsawat U, Siriboonpiputtana T, Chaiatchanarat K, et al. Thai population data on 15 tetrameric STR loci-D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818 and FGA. *Forensic Sci Int.* 2006; 158(2-3):234-7.
5. Goodwin W, Ballard D, Simpson K, Thacker C, Syndercombe Court D, Gow J. Case study: paternity testing-when 21 loci are not enough. *International Congress Series.* 2004; 1261:460-2.
6. Bhoopat T, Sriduangkaew S, Steger HF. STR loci D10S2325, D16S539 and D19S253: Northern Thai population data. *Leg Med.* 2006; 8(5):306-7.
7. Waiyawuth W, Zhang L, Rittner C, Schneider PM. Genetic analysis of the short tandem repeat system D12S391 in the German and three Asian populations. *Forensic Sci Int.* 1998; 94(1-2):25-31.
8. Shin CH, Jang P, Hong KM, Paik MK. Allele frequencies of 10 STR loci in Koreans. *Forensic Sci Int.* 2004; 140(1):133-5.
9. Becker D, Vogelsang D, Brabetz W. Population data on the seven short tandem repeat loci D4S2366, D6S474, D14S608, D19S246, D20S480, D21S226 and D22S689 in a German population. *Int J Legal Med.* 2007; 121(1):78-81.
10. Asamura H, Ota M, Fukushima H. Population data on 10 non-CODIS STR loci in Japanese population using a newly developed multiplex PCR system. *J Forensic Leg Med* 2008; 15(8):519-23.
11. Lee MH, Park SY, Kim DJ, Kim MJ, Ryu HM, Cho YH. Genetic variation of three autosomal STR loci D21S1435, D21S1411, and D21S1412 in Korean population. *Mol Biol Rep* 2010; 37(1):99-104.
12. Tereba A. Tools for Analysis of Population Statistics. PowerStats Program Version 1.2. Promega Corporation; 1999 [cited 2011 Oct 16]. Available from: <http://www.promega.com/geneticidtools/powerstats>
13. Raymond M, Rousset F. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *J. Heredity* 199; 86:248-249.
14. Wright S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 1965; 19:395-420.
15. Butler JM. *Forensic DNA Typing: Biology, Technology, and Genetics of STR Markers.* Burlington, MA: Academic Press; 2005.