

การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ ตำแหน่ง 8271 – 8873 ของไมโทคอนเดรีย ดีเอ็นเอของชายไทย
และชายพม่า

Comparison of Nucleotide Sequence Position 8271 – 8873 of Mitochondria DNA in
Thai and Myanmar Males

สุสดี รังคะนก*

บทคัดย่อ

การวิเคราะห์ความแตกต่างในลำดับเบสของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ มีการนำไปประยุกต์ใช้ทางนิติวิทยาศาสตร์ และการศึกษาทางมานุษยวิทยา อย่างไรก็ตาม ข้อมูลความแตกต่างในลำดับเบสของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอในมนุษย์ได้รับมาจากบริเวณ displacement-loop และ intergenic regions ในงานวิจัยฉบับนี้ ได้ศึกษาการพิสูจน์ตำแหน่งความแตกต่างในลำดับเบสของ ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ที่ตำแหน่ง 8271 – 8873 ซึ่งเป็นลำดับดีเอ็นเอของกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชายจำนวน 20 คน และกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชายจำนวน 9 คน ทำการตรวจโดยเทคนิค PCR และทำ sequencing ผลศึกษาพบว่าการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์การเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย แบบ transition แบบ transversion มี ในการทดลองนี้ นอกจากพบการแทนที่ของนิวคลีโอไทด์ยังพบการแทรกของนิวคลีโอไทด์ การ การเปรียบเทียบการลำดับเบสของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ตำแหน่ง 8271-8873 โดยเปรียบเทียบระหว่างกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย กลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และ Anderson sequence มีตำแหน่ง 8310, 8312, 8350 และ 8784 พบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์เฉพาะในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ผลการวิเคราะห์ Phylogenetic Tree พบว่า การกระจายตัวของ sequence ทั้งกลุ่มตัวอย่างคนพม่าและกลุ่มตัวอย่างคนไทย มีการกระจายตัวแบบผสมผสานกัน จึงทำให้ไม่สามารถใช้จำแนกกลุ่มตัวอย่างคนพม่าและกลุ่มตัวอย่างคนไทยออกจากกันได้อย่างชัดเจน แต่ลำดับเบสของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ตำแหน่ง 8310, 8312, 8350, 8784 และ 8790 แตกต่างจากกลุ่มตัวอย่างคนไทย ข้อเสนอแนะผลการวิจัย การเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอบาง ตำแหน่ง 8271-8873 ในมนุษย์ สามารถใช้จำแนกกลุ่มตัวอย่างคนพม่าและกลุ่มตัวอย่างคนไทยได้

คำสำคัญ : ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ; การเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์แบบทรานซิชัน; การเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์แบบทรานสเวอร์ชัน; การขาดหายไปของนิวคลีโอไทด์; การแทรกเพิ่มเติมของนิวคลีโอไทด์

* สาขาวิชา นิติวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยศิลปากร อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ธงชัย เตโชวิศาล ภาควิชา จุลชีววิทยา มหาวิทยาลัยศิลปากร

Abstract

Analysis variations of polymorphic sequence in mitochondrial DNA has been applied to forensic tests and anthropology studies. However, these polymorphic data have derived from displacement-loop and intergenic regions. In this report the identification of clustered polymorphic site in the mitochondria coding regions encompassing position 8271 – 8873. The DNA sequence of untreated Thai males 20 sample and Myanmar males 9 sample by PCR and sequencing. The results found transition of nucleotide. Four types of nucleotide transition were identified A to G (37.78%), T to C (1.33%), G to A (40%) and C to T (20%). Seven types of nucleotide transversion were identified T to G (39.53%), G to T (2.32%), C to G (6.98%), C to A (12.79%), A to T (36.05%), T to A (11.62%) and A to C (2.33%). In this study was observed nucleotide deletion and nucleotide insertion. Nucleotide comparison was made with Thai males, Myanmar males and Anderson sequence, was observed nucleotide position 8310, 8350 and 8784 in Myanmar males not observed in Thai males. The results suggest that sequence polymorphism from position 8271 – 8873 in human mtDNA can be use maker for identity investigation.

Key Words : Mitochondrial DNA; nucleotide transition; nucleotide transversion; nucleotide deletion; nucleotide insertion

บทนำ

ในปัจจุบันการตรวจพิสูจน์บุคคลด้วยไมโทคอนเดรียลดีเอ็นเอนั้น ทำการตรวจในบริเวณที่เรียกว่า บริเวณควบคุม (control region) ซึ่งมีความหลากหลายสูงและมีการสะสมของการเกิดการกลายพันธุ์ (mutation) มากกว่าดีเอ็นเอในนิวเคลียสถึง 10 เท่า ประมาณ 0.32 ต่อหนึ่ง base pair ต่อหนึ่งล้านปี และในส่วนอื่นของจีโนมไมโทคอนเดรีย ประมาณ 0.02 ต่อหนึ่ง base pair ต่อหนึ่งล้านปี อัตราการกลายพันธุ์ที่สูงของจีโนมไมโทคอนเดรียเกิดจากการแทนที่ของเบสเพียง 1 ตัว (single nucleotide substitution) มากกว่าการเพิ่ม (insertion) หรือการลดจำนวนเบส (deletion) แต่การตรวจพิสูจน์บุคคลด้วยไมโทคอนเดรีย ดีเอ็นเอที่บริเวณควบคุมเพียงอย่างเดียว นั้น ยังไม่สามารถยืนยันตัวบุคคลได้อย่างแน่ชัด เป็นที่ทราบอยู่แล้วว่าดีเอ็นเอจากไมโทคอนเดรียได้รับการถ่ายทอดจากมารดาและมีประโยชน์ในการศึกษาวิวัฒนาการของมนุษย์ แต่ยังไม่สามารถระบุได้แน่ชัด ดังนั้นหากสามารถหาความหลากหลายของดีเอ็นเอในไมโทคอนเดรียที่บริเวณอื่นเพิ่มเติม จะทำให้มีความจำเพาะมากขึ้น จากสาเหตุดังกล่าว จึงมีความสนใจที่จะศึกษาถึงความแปรผันของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ตำแหน่ง 8271-8873 ซึ่งเป็นตำแหน่ง tRNA-Lys, ATPase 8 และบางส่วนของตำแหน่ง ATPase 6 เพื่อศึกษาความแปรผันของลำดับเบสไมโทคอนเดรีย ตำแหน่ง 8271-8873 ว่ามีความแปรผันไปมากน้อยเพียงใดและตำแหน่งใด เพื่อนำมาใช้ในการเปรียบเทียบ

ผลและยืนยันผล ในกรณีการตรวจดีเอ็นเอจากไมโทคอนเดรียระหว่างสายมารดา การศึกษาวิวัฒนาการของประชากรได้

การวิเคราะห์ mitochondrial DNA เพื่อการศึกษาวิวัฒนาการของมนุษย์ได้รับการพัฒนาขึ้นมากทั้งในแง่ของเทคนิคทางปฏิบัติการและการวิเคราะห์ผลทางสถิติ โดยไมโทคอนเดรียเป็นเครื่องมือในการศึกษาวิวัฒนาการของมนุษย์โดยเฉพาะประเด็นเรื่องถิ่นกำเนิด เส้นทางและระยะเวลาของการเริ่มเข้าไปตั้งถิ่นฐานของคนพื้นเมืองกลุ่มต่างๆจนกระทั่งปัจจุบันยังมีความพยายามจะขยายขอบเขตและฐานข้อมูลของการศึกษาให้เป็นมาตรฐานเดียวกัน ครอบคลุมเรื่องประวัติการตั้งถิ่นฐานของคนพื้นเมืองทั้งทั่วโลกด้วย

การวิเคราะห์ mitochondrial DNA เพื่อสืบหาความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิตทั้งระดับภายในและระหว่างประชากร จำเป็นต้องอยู่บนข้อกำหนดเรื่องวิวัฒนาการแบบเป็นกลางซึ่งหมายความว่าไม่มีเรื่องของการคัดเลือกโดยธรรมชาติเข้ามาเกี่ยวข้อง การวิเคราะห์สามารถกระทำได้หลายแบบตามวัตถุประสงค์ของการใช้งานต่างๆกันออกไป เป็นต้นว่าการพิจารณาเปรียบเทียบการกระจายตัวของชนิดและความถี่ของ haplogroups ,การคำนวณค่า genetic divergence , การสร้าง genetic tree และ population tree, การคำนวณหา coalescent time และการวิเคราะห์ mismatch distribution เป็นต้น

การศึกษาลำดับเบสไมโทคอนเดรียของประชากรไทยเพศชายและประชากรพม่าเพศชาย ทำการเปรียบเทียบกับ Anderson sequence ตำแหน่งที่มีความแตกต่างมาก ๆในบริเวณ coding regions ของ mtDNA นอกจากการศึกษาความหลากหลายของนิวคลีโอไทด์ Fp เปรียบเทียบกับลำดับ DNA ที่ตำแหน่ง 8271 -8873 จากประชากรพม่าเพศชาย จำนวน 20 คน และประชากรไทยเพศชาย 9 คนที่ไม่มีความเกี่ยวข้องเป็นญาติกัน โดยความแตกต่างที่ตำแหน่ง 8271 - 8873 สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลได้

วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1. เพื่อศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ ตำแหน่ง 8271 -8873 ของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ของกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชายและกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย
2. เพื่อศึกษาเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ ตำแหน่ง 8271-8873ของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอของกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชายและกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย

วิธีการวิจัย

การศึกษาวิจัยในครั้งนี้ ได้ทำการศึกษาลำดับเบสของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ตำแหน่ง 8271-8873 โดยเปรียบเทียบระหว่างกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย กลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และ Anderson sequence โดยใช้วิธีการวิจัยเชิงทดลอง โดยมีขั้นตอนในการดำเนินการวิจัย ดังนี้

กลุ่มประชากร

ผู้วิจัยได้กำหนดกลุ่มตัวอย่างเป้าหมาย คือ กลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย จำนวน 20 คน ที่มาใช้แรงงานในพื้นที่จังหวัดระนองและจังหวัดชุมพร และในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย จำนวน 9 คน เป็นคน

ไทยที่มีถิ่นฐานเดิมมาจากภาคตะวันออกเฉียงเหนือโดยทำการเก็บตัวอย่างเส้นผมของกลุ่มตัวอย่าง ผู้ทำการทดลองเป็นผู้เก็บตัวอย่างเอง

วิธีการทดลอง

1. ตัวอย่างที่เป็นเส้นผม ทำการสกัดดีเอ็นเอด้วยชุดสกัด Genomic DNA Mini kit และเก็บสารละลายดีเอ็นเอไว้ที่ 4 °C หรือ -20 °C
2. เพิ่มปริมาณ ดีเอ็นเอด้วยวิธี PCR โดยทำการเพิ่มปริมาณไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ตำแหน่ง 8271-8873 โดยใช้ Forward primer 5' CAG TTT CAT GCC CAT CGT CC 3' และ Reverse primer 5' CCT ATA ATC ACT GTG CCC GCT C 3' มาทำการทดสอบโดยส่วนประกอบของ Reaction mixture 50 µl ประกอบด้วย 10X PCR buffer 5 µl, 50 mM MgCl₂ 2 µl, dNTP 2 µl, Forward primer 1 µl, Reward primer 1 µl, Taq DNA Polymerase 1 µl, ddH₂O 33 µl, Template DNA 5 µl นำ Reaction mixture ที่ได้เข้าเครื่อง Thermal cycler โดยตั้งโปรแกรม ดังนี้ 1st Denaturation 95°C 5 นาที (Denaturation 94 °C 1 นาที, Annealing 56 °C 1 นาที, Extension 72 °C 30 วินาที) 35 รอบ Final Extension 72 °C 10 นาที ความยาวของ PCR product ที่ได้อยู่ระหว่าง 677 bp
3. ตรวจวิเคราะห์ผลผลิต PCR โดยวิธี Agarose gel electrophoresis
4. ทำการสกัดดีเอ็นเอออกจาก Agarose gel ด้วยชุดสกัด Gel/PCR DNA Fragments Extraction Kit
5. ส่งตัวอย่าง ดีเอ็นเอ ไปทำการ sequences เพื่อดูผลลำดับเบส
6. นำผลลำดับเบสที่ได้ในแต่ละตัวอย่าง ทำการเปรียบเทียบผลกับ Anderson sequences เปรียบเทียบผลกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชายและกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย

ตาราง แสดงความแตกต่างของลำดับเบสของกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ระหว่างตำแหน่ง

8317 –8868 เทียบกับ Anderson sequence

Reference subject	8317	8322	8350	8355	8356	8357	8414	8473	8479	8509	8563	8584	8701	8774	8784	8790	8839.1	8858.1	8863	8863.1	8864	8865	8866	8868
	T	T	A	T	T	T	C	T	A	C	A	G	A	A	A	G	-	-	G	-	T	G	A	T
Myn1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	-	-	G	-	-	-	-	-	-	T	G	A	T	D
Myn2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	-	-	-	-	-	-	T	G	A	T	D
Myn3	-	-	-	C	-	C	-	C	-	-	G	-	-	-	-	-	G	G	-	-	G	A	-	-
Myn4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	D	T	G	A	T	-
Myn5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	G	A	-	-
Myn6	-	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-	G	-	-	-	-	-	-	T	G	A	T	D
Myn8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	T	G	A	A	T	-
Myn9	A	A	-	A	C	A	-	-	G	-	-	-	G	G	-	-	-	-	-	T	G	A	T	D
Myn10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	-	T	G	A	T	D
Myn11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	-	-	G	-	-	-	-	-	-	T	G	A	T	D
Myn12	-	-	C	-	-	-	T	-	-	-	-	-	G	-	-	-	-	-	-	T	G	A	T	D
Myn13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	-	-	A	-	-	-	T	G	A	T	D
Myn14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	G	A	T	D
Myn15	-	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-	G	-	-	-	-	-	-	T	G	A	-	-
Myn16	-	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-	G	-	-	-	-	-	-	T	G	A	-	-
Myn17	-	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-	G	-	-	-	-	-	-	G	A	A	T	D
Myn18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	T	G	A	-	-
Myn19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	-	-	-	-	-	-	G	A	A	T	D
Myn20	-	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-	G	-	T	-	-	-	-	T	G	A	-	-

ตาราง แสดงความแตกต่างของลำดับเบสของกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย ระหว่างตำแหน่ง
8271 – 8315 เทียบกับ Anderson sequence

Reference subject	8276 8280 - 8288	8280	8281	8282	8287	8288	8289	8292	8293	8294	8295	8296	8297	8300	8301	8307	8308	8309	8313	8314	8315
	C ACCCCTCT	C	C	C	C	T	A	G	C	C	C	A	C	T	A	A	A	C	G	C	A
Thi1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Thi2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Thi3	-	D	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Thi4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Thi5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Thi6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Thi7	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Thi8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Thi9	-	-	G	A	G	A	C	T	A	A	A	G	C	T	C	T	T	T	A	T	T

ตาราง แสดงความแตกต่างของลำดับเบสของกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย ระหว่างตำแหน่ง
8317 – 8868 เทียบกับ Anderson sequence

Reference subject	8317	8322	8355	8356	8357	8414	8473	8479	8509	8563	8584	8701	8774	8839.1	8858.1	8863	8863.1	8864	8865	8866	8868
	T	T	T	T	T	C	T	A	C	A	G	A	A	-	-	G	-	T	G	A	T
Thi1	-	-	-	-	-	-	-	-	T	-	-	G	-	-	-	-	T	G	A	T	D
Thi2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	-	-	-	-	T	G	A	T	D
Thi3	-	-	C	-	C	-	C	-	-	G	-	-	-	G	G	-	-	G	A	-	-
Thi4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	D	T	G	A	T	-
Thi5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	G	A	-	-
Thi6	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-	G	-	-	-	-	T	G	A	T	D
Thi7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	T	G	A	A	T	-
Thi8	-	-	A	C	A	-	-	G	-	-	-	G	G	-	-	-	T	G	A	T	D
Thi9	A	A	A	C	A	-	-	G	-	-	-	G	G	-	-	-	T	G	A	T	D

ตาราง แสดงผล Align ไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ตำแหน่ง 8278-8286 ของกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชายเปรียบเทียบกับ Anderson sequence

การเปลี่ยนแปลง Nucleotide	กลุ่มตัวอย่าง	
	พม่าเพศชาย	ไทยเพศชาย
การแทนที่ Nucleotide		
Transition		
G $\longrightarrow$ A	4	3
A $\longrightarrow$ G	3	4
T $\longrightarrow$ C	4	5
C $\longrightarrow$ T	4	5
Transversion		
A $\longrightarrow$ C	2	1
C $\longrightarrow$ A	5	5
A $\longrightarrow$ T	6	6
T $\longrightarrow$ A	4	5
C $\longrightarrow$ G	3	3
T $\longrightarrow$ G	1	1
G $\longrightarrow$ T	2	2
Insertion		
T	1	1
G	3	3
Deletion		
A	1	1
C	6	6
T	3	1
G	2	1

ผล/สรุปผลการวิจัย

จากตารางการพบการแทนที่ระหว่างเบสกลุ่มเดียวกัน(Transition C $\rightarrow$ T) ในตัวอย่างกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ในตำแหน่ง 8276, 8297, 8314, 8414, และ 8509 ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชายและกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย พบความถี่ของการแทนที่ระหว่างเบสกลุ่มเดียวกัน (Transition C $\rightarrow$ T) ในตำแหน่ง 8414 มากที่สุด

การแทนที่ระหว่างเบสกลุ่มเดียวกัน(Transition A $\rightarrow$ G) ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ในตำแหน่ง 8479, 8563, 8701 และ 8774 กลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชายและกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย จะพบความถี่ของการแทนที่ระหว่างเบสกลุ่มเดียวกัน (Transition A $\rightarrow$ G) ในตำแหน่ง 8701 เหมือนกัน พบการแทนที่ระหว่างเบสกลุ่มเดียวกัน(Transition A $\rightarrow$ G) ตำแหน่ง 8312 ในตัวอย่างกลุ่มประชากรพม่าเพศชายไม่พบในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย

การแทนที่ระหว่างเบสกลุ่มเดียวกัน(Transition G $\rightarrow$ A) ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ยในตำแหน่ง 8292, 8584, และ 8865 ในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย พบในตำแหน่ง 8790 แต่ไม่พบในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และตำแหน่ง 8865 พบการแทนที่ระหว่างเบสกลุ่มเดียวกัน(Transition G $\rightarrow$ A) ในทุกตัวอย่าง

การแทนที่ระหว่างเบสกลุ่มเดียวกัน(Transition T $\rightarrow$ C) ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ในตำแหน่ง 8288 , 8300, 8355 , 8357 และ 8473

การแทนที่ระหว่างเบสต่างกลุ่ม(Transversion T $\rightarrow$ A) ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ในตำแหน่ง 8317, 8355 และ 8357 ในตัวอย่างกลุ่มประชากรพม่าเพศชายพบในตำแหน่ง 8310 แต่ไม่พบในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย

การแทนที่ระหว่างเบสต่างกลุ่ม(Transversion A $\rightarrow$ T) กลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ในตำแหน่ง 8289, 8301, 8307, 8308, 8315 และ 8866ในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย พบในตำแหน่ง 8784 แต่ไม่พบกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และตัวอย่างกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย พบความถี่ของการแทนที่ระหว่างเบสกลุ่มเดียวกัน (Transversion A $\rightarrow$ T) ในตำแหน่ง 8866 มากที่สุด

การแทนที่ระหว่างเบสต่างกลุ่ม(Transversion C $\rightarrow$ A) ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ในตำแหน่ง 8281, 8287, 8293, 8294 และ 8309

การแทนที่ระหว่างเบสต่างกลุ่ม(Transversion A $\rightarrow$ C) ในตัวอย่างกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ในตำแหน่ง 8296 ในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชายพบในตำแหน่ง 8350 ไม่พบการแทนที่ระหว่างเบสต่างกลุ่ม(Transversion A $\rightarrow$ C) กลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย

การแทนที่ระหว่างเบสต่างกลุ่ม(Transversion C $\rightarrow$ G) ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ในตำแหน่ง 8280 , 8282 และ 8295

การแทนที่ระหว่างเบสต่างกลุ่ม(Transversion T→G) ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ในตำแหน่ง 8864

การแทนที่ระหว่างเบสต่างกลุ่ม(Transversion G→T) ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ในตำแหน่ง 8313 และ 8863

การแทรกเพิ่มของเบส(Insertion G(2)) ระหว่างตำแหน่ง 8839 และ 8840 จำนวน 2 ตัวอย่าง พบทั้งกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย การแทรกเพิ่มของเบส(Insertion G(4))ระหว่างตำแหน่ง 8858 และ 8859 จำนวน 4 ตัวอย่าง พบแทรกเพิ่มของเบส(Insertion G) จำนวน 2 ตัวอย่างในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และพบแทรกเพิ่มของเบส(Insertion G) จำนวน 2 ตัวอย่างในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย การแทรกเพิ่มของเบส(Insertion T(22)) และ G(5)) ระหว่างตำแหน่ง 8863 และ 8864 จำนวน 27 ตัวอย่าง พบการแทรกเพิ่มของเบส(Insertion T(7)) จำนวน 7 ตัวอย่างในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และพบการแทรกเพิ่มของเบส(Insertion T(15)) จำนวน 15 ตัวอย่างในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย พบการแทรกเพิ่มของเบส(Insertion G(1)) จำนวน 1 ตัวอย่างในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และพบการแทรกเพิ่มของเบส(Insertion G(4)) จำนวน 4 ตัวอย่างในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย

การขาดหายไปของเบส(Deletion A) พบที่ตำแหน่ง 8280 จำนวน 3 ตัวอย่าง การขาดหายไปของเบส (Deletion C) พบที่ตำแหน่ง 8281- 8285 และ 8287 จำนวน 3 ตัวอย่าง พบการขาดหายไปของเบส(Deletion A และ C) จำนวน 1 ตัวอย่างในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และพบการขาดหายไปของเบส(Deletion A และ C) จำนวน 2 ตัวอย่างในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย การขาดหายไปของเบส (Deletion T) พบที่ตำแหน่ง 8286 , 8288 และ 8868 จำนวน 20 ตัวอย่าง ตัวอย่างกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย พบการขาดหายไปของเบส(Deletion T(6)) จำนวน 6 ตัวอย่าง และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย พบการขาดหายไปของเบส(Deletion T(14)) จำนวน 14 ตัวอย่าง การขาดหายไปของเบส(Deletion G) พบที่ตำแหน่ง 8863 จำนวน 2 ตัวอย่าง พบทั้งกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย และตำแหน่ง 8313 จำนวน 1 ตัวอย่างในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย

ตำแหน่งที่ 8355 และ 8357 พบการแทนที่ระหว่างเบสกลุ่มเดียวกัน(Transition) และการแทนที่ระหว่างเบสต่างกลุ่ม(Transversion)

ตำแหน่งที่ 8313 และ 8863 พบการแทนที่ระหว่างเบสต่างกลุ่ม(Transversion) การขาดหายไปของเบส(Deletion G)

การเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย แบบ transition ที่พบ คิดเป็นร้อยละ 27.77 การเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์แบบ transversion คิดเป็นร้อยละ 42.59 ในการทดลองนี้ นอกจากพบการแทนที่ของนิวคลีโอไทด์ยังพบการแทรกของนิวคลีโอไทด์คิดเป็นร้อยละ 7.4 และการขาดหายไปของนิวคลีโอไทด์คิดเป็นร้อยละ 22.22

การเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย แบบ transition คิดเป็นร้อยละ 32.07 การเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์แบบ transversion คิดเป็นร้อยละ 43.39 ในการทดลองนี้

นอกจากพบการแทนที่ของนิวคลีโอไทด์ยังพบการแทรกของนิวคลีโอไทด์คิดเป็นร้อยละ 7.54 และการขาดหายของนิวคลีโอไทด์คิดเป็นร้อยละ 16.98

การพิสูจน์ตำแหน่งที่แปรผันได้ ในช่วงตำแหน่ง 8271 – 8873

การเปรียบเทียบนิวคลีโอไทด์ของกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย ทำการเทียบกับ Anderson sequence ตำแหน่งที่ 8271- 8873 พบเปลี่ยนแปลงทั้งหมด 54 ตำแหน่งที่มีความแตกต่างจากลำดับเบสในช่วงความยาว 603 bp คิดเป็นร้อยละ 8.95 ของการเกิดการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสในนิวคลีโอไทด์ และในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย ทำการเทียบกับ Anderson sequence ตำแหน่งที่ 8271- 8873 พบเปลี่ยนแปลงทั้งหมด 53 ตำแหน่งที่มีความแตกต่างของลำดับเบสในช่วงความยาว 603 bp คิดเป็นร้อยละ 8.78 ของการเกิดการเปลี่ยนแปลงลำดับเบสในนิวคลีโอไทด์

ตำแหน่ง 8271– 8873 ที่ทำการศึกษาเป็นตำแหน่งที่มีการถอดรหัสจากยีนไมโทคอนเดรีย ตำแหน่งของนิวคลีโอไทด์ 8295 -8364 ที่มีการถอดรหัสให้ tRNA lysine ตำแหน่งของนิวคลีโอไทด์ 8366 -8572 ถอดรหัสให้โปรตีนหน่วยย่อยของเอนไซม์เชิงซ้อนตัวที่ 5 ถอดรหัสให้ ATP synthase 8 และ ตำแหน่งของนิวคลีโอไทด์ 8527 -9207 ถอดรหัสให้โปรตีนหน่วยย่อยของเอนไซม์เชิงซ้อนตัวที่ 5 ถอดรหัสให้ ATP synthase 6 พบตำแหน่งที่มีการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบสในนิวคลีโอไทด์ชนิดที่มีการแทนที่เบสเฉพาะในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย จำนวน 5 ตำแหน่ง คือ 8310, 8312, 8350 เป็นบริเวณที่มีการถอดรหัสให้ tRNA lysine และ 8784 และ 8790 เป็นบริเวณที่มีการถอดรหัสให้ ATP synthase 6 พบการเปลี่ยนแปลงของลำดับเบสในนิวคลีโอไทด์ชนิดที่มีการขาดหายไป คือ 8863 และ 8868 ซึ่งเป็นตำแหน่งของยีนที่ถอดรหัสจาก ยีนไมโทคอนเดรีย ATP synthase 6 เป็นยีนของไมโทคอนเดรียที่มีความถี่ของลำดับเบสซ้ำกัน(direct repeat) ทำให้เกิดการกลายพันธุ์แบบ large-scale mtDNA rearrangement เป็นแบบที่มีการขาดหายไปของยีนขนาดใหญ่ พบในตำแหน่งที่ 8313 และการกลายพันธุ์แบบ point mutation ตำแหน่ง คือ 8310, 8312, 8350, 8784 และ 8790 เฉพาะกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย และตำแหน่งของยีน tRNA lysine และ ATP synthase 6 เป็นบริเวณที่เกิดการแทนที่ของเบส, การขาดหายไป และการแทรกเพิ่มของเบสมากที่สุด

การวิเคราะห์นิวคลีโอไทด์ที่เปลี่ยนแปลง

ผลการเปรียบเทียบ เปรียบเทียบการลำดับเบสของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ตำแหน่ง 8271-8873 โดยเปรียบเทียบระหว่างกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย กลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และ Anderson sequence พบ 3 ตำแหน่งที่มีความถี่ในการเปลี่ยนแปลงได้มากที่สุด คือ ตำแหน่ง 8864 พบจำนวน 29 คน จาก 29 คน (100%) โดยนิวคลีโอไทด์เปลี่ยนแปลงแบบ transversion (การเปลี่ยนจากเบสพิวรีนไปเป็นเบส พิริมิดีน หรือจากเบสพิริมิดีนไปเป็นเบสพิวรีน) มีการเปลี่ยนแปลงจาก T → G จำนวน 24 คน (83%) พบในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย จำนวน 16 คน ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย จำนวน 8 คน T → A จำนวน 5 คน (17%) โดยการเปลี่ยนแปลง T → A พบในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย จำนวน

4 คน ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชายจำนวน 1 คน ตำแหน่งที่พบรองลงมา คือ ตำแหน่ง 8866 พบ 21 คนจาก 29 คน (72.41%) พบในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย จำนวน 14 คน ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย จำนวน 7 คน โดยนิวคลีโอไทด์มีการเปลี่ยนแปลงจาก A $\rightarrow$ T ตำแหน่งที่พบเป็นอันดับสาม คือ ตำแหน่ง 8701 ซึ่งตำแหน่งนี้พบ 17 คนจาก 29 คน (58.62%) ในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย จำนวน 12 คน ในกลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย จำนวน 5 คน โดยนิวคลีโอไทด์มีการเปลี่ยนแปลงจาก A $\rightarrow$ G

ในตำแหน่ง 8865 ที่มี G ซึ่งปรากฏที่ Anderson sequence เท่านั้น คือ ที่ตำแหน่ง 8865 ผิดแบบไป ในการทดลองนี้เป็น A ทั้ง 29 คน ในการศึกษาครั้งนี้ มีเพียง 3 ตำแหน่ง (hot spots) ของความแตกต่างที่พบการเปลี่ยนแปลงของนิวคลีโอไทด์แบบ transversion (การเปลี่ยนจากเบสพิวรีนไปเป็นเบสพirimidine หรือจากเบสพirimidine ไปเป็นเบสพิวรีน) จำนวน 2 ตำแหน่ง และ การเปลี่ยนแปลงแบบ transition (การเปลี่ยนจากเบสพิวรีนไปเป็นเบสพิวรีน หรือจากเบสพirimidine ไปเป็นเบสพirimidine) จำนวน 1 ตำแหน่ง

ผลการเปรียบเทียบการลำดับเบสของไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอ ตำแหน่ง 8271-8873 โดยเปรียบเทียบระหว่างกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย กลุ่มตัวอย่างคนไทยเพศชาย และ Anderson sequence มีตำแหน่ง 8310, 8312, 8350, 8784 และ 8790 พบการเปลี่ยนแปลงนิวคลีโอไทด์เฉพาะในกลุ่มตัวอย่างคนพม่าเพศชาย

อภิปรายผล

การศึกษาการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ ตำแหน่ง 8271 – 8873 ของไมโทคอนเดรีย ดีเอ็นเอของชายไทยและชายพม่า สามารถใช้เป็นฐานข้อมูลในการศึกษาความหลากหลายของประชากรระหว่างชนชาติได้ เพื่อนำมาใช้ประโยชน์ในทางนิติวิทยาศาสตร์ในการจัดจำแนกกลุ่มประชากร งานวิจัยนี้มีประโยชน์อย่างมากหากมีการเพิ่มจำนวนประชากรให้มีขนาดใหญ่ขึ้นและกำหนดช่วงของ sequence ให้แคบลง เพราะจะทำให้ค่าความเชื่อถือเพิ่มมากขึ้น ความถูกต้องความแม่นยำ จะมีค่าสูงขึ้น จึงควรมีการศึกษาต่อไป

ข้อเสนอแนะ

ควรมีการศึกษาไมโทคอนเดรียดีเอ็นเอบริเวณอื่นเนื่องจาก mtDNA มนุษย์ มีความยาวถึง 16,569 bp และเมื่อมีการศึกษาวิเคราะห์แล้วควรที่จะมีการทำฐานข้อมูลเพื่อใช้ในการศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ของประชากร

บรรณานุกรม

ภาษาไทย

กรเกียรติ วงไพศาลสิน. ดีเอ็นเอกับงานนิติเวช[ออนไลน์]. เข้าถึงเมื่อ 12 พฤษภาคม 2553. เข้าถึงได้จาก

<http://www.ntu.edu.sg/home2004/WONG0172/RFLP.ht>

คณาจารย์ ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์การแพทย์ มหาวิทยาลัยนเรศวร. คู่มือปฏิบัติการชีวเคมี

การแพทย์พื้นฐาน 1 และ 2. ม.ป.ท., 2551.

จินตนา ประดุกาญจนา. DNA กับงานนิติเวชศาสตร์ [ออนไลน์]. เข้าถึงเมื่อ 12 พฤษภาคม 2553. เข้าถึง

ได้จาก <http://www.biotech.or.th/biotechnology-th/newsdetail.asp>

ดีเอ็นเอ [online]. accessed 20 May 2010. Available from

<http://www.gotoknow.org/blog/bioinformatics...ch/87643>

ทิพย์มณี ภาระตะศิลป์ และคณะ. การกลายพันธุ์ [ออนไลน์]. เข้าถึงเมื่อ 23 พฤษภาคม 2553.

เข้าถึงได้จาก

http://www.biology.science.cmu.ac.th/lectures/202231/Mutation_Resn.htm

ทิพย์รัตน์ หาญสืบสาย. ดีเอ็นเอรหัสชีวิตสุดยอมนหัสจรรย์. กรุงเทพฯ : ประพันธ์สาส์น, 2548

ธนาวัลย์ อรัญญิก. การสลายสารอาหารระดับเซลล์[ออนไลน์],เข้าถึงได้เมื่อ 12 พฤษภาคม 2553. เข้าถึง

ได้จาก http://www.pw.ac.th/main/website/sci/5_main.html

ธานินทร์ ภูพัฒน์. วิทยาการดีเอ็นเอในงานนิติเวช. เชียงใหม่ : คณะแพทยศาสตร์ ภาควิชานิติเวชศาสตร์

มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, 2538.

นำชัย ชิววิวรรณ และคณะ. ดีเอ็นเอ ปริศนาลับรหัสชีวิต. ปทุมธานี : ศูนย์พันธุวิศวกรรมและ

เทคโนโลยีชีวภาพ, 2546

นำชัย ชิววิวรรณ, มหัสจรรย์ ดีเอ็นเอ[ออนไลน์], เข้าถึงเมื่อ 12 พฤษภาคม 2553. เข้าถึงได้จาก [http://](http://www.biotech.or.th/en/Newsdetail.aspx?id=4802)

www.biotech.or.th/en/Newsdetail.aspx?id=4802

บัญญัติ สุขศรีงาม. ชีววิทยาของเซลล์สำหรับพยาบาลศาสตร์และสาธารณสุขศาสตร์. กรุงเทพฯ : โอ.

เอส.พรินต์ติ้ง เฮาส์, 2533.

ประดิษฐ์ พงศ์ทองคำ. พันธุศาสตร์. กรุงเทพฯ : ภาควิชาพันธุศาสตร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัย

เกษตรศาสตร์.พิมพ์ครั้งที่ 4, 2548

พจน์ ศรีบุญลือ และคณะ. ชีวเคมี. พิมพ์ครั้งที่ 2. ขอนแก่น : โรงพิมพ์คลัง นานาวิทยา, 2540.

พรทิพย์ โรจนสุนันท์. “ความรู้เบื้องต้นเรื่อง DNA Fingerprint.” บทบัญญัติ 57 (มีนาคม 2544): 86 –

100

พัชรีย์ เลิศฤทธิ์. ตำราพันธุกรรมของยีนไมโทคอนเดรียในประเทศไทย.พิมพ์ครั้งที่ 1.กรุงเทพฯ: บริษัท

มิสเตอร์กอปปี(ประเทศไทย)จำกัด. 2549

- พัชรีย์ เลิศฤทธิ์ และ เสมอชัย พูลสุวรรณ. “ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียกับการศึกษาวิวัฒนาการของมนุษย์” (Mitochondrial DNA and Human Evolution). เอกสารประกอบการบรรยายในการสัมมนา เรื่อง "วิทยาศาสตร์กับการสืบค้นบรรพบุรุษ"โดยสภาวิจัยแห่งชาติ วันพุธที่ 13 กันยายน 2549. (เอกสารอัดสำเนา)
- ไพจิตร สวัสดิการ. “การพิสูจน์ลายพิมพ์ ดีเอ็นเอ ในศาลในคดีอาญา”. เอกสารอบรมผู้บริหารกระบวนการยุติธรรมระดับสูงรุ่นที่ 7 วิทยาลัยการยุติธรรม สำนักงานศาลยุติธรรม, 2547
- เลียงชัย จัตุรัส. ดีเอ็นเอทางการแพทย์[ออนไลน์]. เข้าถึงเมื่อ 12 พฤษภาคม 2553. เข้าถึงได้จาก http://forenmed.md.kku.ac.th/site_data/myort2_74/3/DNA371120.doc
- วรรณาทอง นพคุณ และคณะ. สารานุกรมพันธุศาสตร์. กรุงเทพฯ: เท็กซ์ แอนด์ เจอร์นัล พับลิเคชั่น, 2548
- วิชัย บุญแสง และคณะ. 2541. ลายพิมพ์ดีเอ็นเอ:จากสารพันธุกรรมสู่เทคโนโลยีพิสูจน์บุคคล. กรุงเทพฯ:สำนักพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ
- วิฑูรย์ อังประพันธ์. นิติเวชศาสตร์. พิมพ์ครั้งที่ 8. กรุงเทพฯ: สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยรามคำแหง, 2548
- วิสุทธิ ไบไม้. พันธุศาสตร์. พิมพ์ครั้งที่ 3. กรุงเทพฯ: เอ็นพีซีพลาซมพรินติ้ง, 2536
- สมาคมพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทยและสถาบันส่งเสริมการสอนวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี(สสวท.). สารานุกรมพันธุศาสตร์ Essential Molecular Genetics. กรุงเทพฯ: เท็กซ์ แอนด์ เจอร์นัล พับลิเคชั่น, 2548 :1-8
- สมาคมพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทยและสถาบันส่งเสริมการสอนวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี (สสวท.). สารพันธุกรรม[ออนไลน์]. เข้าถึงเมื่อ 20 พฤษภาคม 2553. เข้าถึงได้จาก <http://www.ipst.ac.th/techno/picture.shtml>
- อมรา คัมภีรานนท์. พันธุศาสตร์มนุษย์. พิมพ์ครั้งที่ 2. กรุงเทพฯ: เท็กซ์ แอนด์ เจอร์นัล พับลิเคชั่น จำกัด, 2546
- อรรถพล เข้มสุวรรณวงศ์และคณะ. นิติวิทยาศาสตร์เพื่อการสืบสวนสอบสวน 1-4. พิมพ์ครั้งที่ 3. กรุงเทพฯ: บริษัท ทริจี พรินติ้ง จำกัด, 2546
- อุไรวรรณ วิจารณ์กุล. ดีเอ็นเอเทคโนโลยี DNA Technology. พิษณุโลก: โรงพิมพ์ตระกูลไทย, 2545

ภาษาต่างประเทศ

- Applied Biosystems. Automated DNA Sequencing: Chemistry Guide. Applera Corporation. USA. (2000)
- ABI. Automated DNA Sequencing. Chemistry Guide. 2000
- Berg, J.M., Tymoczko, J.L., & Stryer, L. Biochemistry. 5th edition. New York: W.H. Freeman and Co., 2002
- Brown, T.A. Genomes. 2nd edition. Oxford, UK: BIOS Scientific Publishers., 2002

- Butler, J.M. Forensic DNA Typing: Biology, Technology and Genetics of STR Markers (2nd Ed.).Elsevier Academic Press.2005
- Champe PC, Harvey RA. Lippincott's illustrated reviews:Biochemistry 2nd ed., Philadelphia: JB Lippincott Company, 1996.
- Clayton TM,Whitaker JP,Maguire CN.Identification of bodies from the scene of a mass disaster using DNA amplication of short tandem repeat(STR) loci.Forensic Sci no.76 (1995):7-15
- Connor JM, Ferguson-Smith MA. Essential medical genetics. 3rd ed., Edinburgh:Blackwell Scientific Publication, 1991.
- Gill P ,Kimpton C.,et al. Report of the European DNA profiling group(EDNAP)- toward standardization of short tandem repeat(STR) loci.Forensic Sci no.65(1994): 9-51
- H. sapiens mitochondrial genome [Online], accessed 15 February 2010. Available from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/V00662>
- Higham, Charles. Ban Non Wat and Thai Prehistory. เอกสารประกอบการบรรยายในการสัมมนา เรื่อง "วิทยาศาสตร์กับการสืบค้นบรรพบุรุษ" โดยสภาวิจัยแห่งชาติ วันพุธที่ 13 กันยายน 2549 (เอกสารอัดสำเนา).
- Hoff-Olsen P,Jacobsen S,mevag B, and Olaisen B. "Microsatellite stability in human post – mortem tissue".Forensic Sci no.119 (2001): 8 -273
- Jeffreys AJ,willson V,Tthein SL. Hypervariable minsatellite regions in human DNA. *Nature* 1985;314:67-63
- Principle of Cell Biology BIOL2060 [Online]. accessed 20 May 2010. Available from :<http://www.mun.ca/biology/desmid/brian/BIOL2060/BIOL2060-18/1824.jpg>
- Rnd S,puers C,skowasch K,Wiegand P, Budowle B, Brinkmann B. Population genetics and forensic efficiency data of 4 AMFLPs. J legal Med no.104 (1992): 33 -329
- Maniatis, Sambrook, Fristsch. Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd ed, Cold Spring Harbor Laboratory Press, USA(1989)Saihi RK.et al., Primer-detected enzymatic amplication of DNA with a thermostable DNA-polymerase. *Science* 239(1988): 91 – 487.
- Strachan, T. & Read, A.P. Human Molecular Genetics. 2nd edition. Oxford, UK: BIOS Scientific Publishers Ltd. (1999)
- Yuan J.et al., MULTICLUSTAL: a systematic method for surveying Clustal W alignment parameters. (Oct-1999) *Bioinformatics* (Oxford, England), 15 (10) :862-3
- Zubay GL. Biochemistry. n.p.1998.