Original Article

การเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการสำหรับประเมินผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ในประเทศไทย ประจำปี พ.ศ. 2555

นงลักษณ์ ศิลขันธ์[1] แววกาญจน์ ดวงชาทม[2] วิภารัตน์ ใจตรง[3] ขวัญใจ คำยศ[4] รพีพร เขียนทอง[5] ชลัมพู วงศ์วรวิวัฒน์[6] ธานินทร์ ภู่พัฒน์[7] กัณหา มุยสุข[8] จันทร์เพ็ญ ธนกิจโกเศรษฐ์[9] ชัยรัตน์ มานะเสถียรกิจ[10] กวิน รัศมีไพศาล[11] จินตนา ประดุจกาญจนา[12] สุวิทย์ เรืองกิตติสกุล[12] บุษบา ฤกษ์อำนวยโชค[9] สุคนธ์ ประดุจกาญจนา[12]*

The 2012 Interlaboratory Comparison of Forensic DNA Typing in Thailand.

Nonglak Sinkhan[1], Weawgarn Duangshatome[2], Wiparat Jaitrong[3], Kwanjai Kumyos[4], Rapeeporn Khienthong[5], Chalampoo Wongvoravivat[6], Tanin Bhoopat[7], Kanha Muisuk[8], Janpen Thanakitgosate[9], Chairat Manasatienkij[10], Kawin Rasmeepaisarn[11], Jintana Pradutkanchana[12], Suwit Rueangkittisakul[12], Budsaba Rerkamnuaychoke[9], Sukone Pradutkanchana[12]

[1]Sub Division of Forensic Biochemistry, Institute of Forensic Medicine, Police General Hospital, Royal Thai Police, Pathum Wan, Bangkok, 10330, Thailand. [2]Biology and DNA Sub-Division, Central Scientific Crime Detection Division, Office of Forensic Science, Royal Thai Police, Pathum Wan, Bangkok, 10330, Thailand. [3]DNA and Biological Identification Unit, Forensic Science Police Center 3, Muang, Nakhonratchasima, 30000, Thailand. [4]DNA and Biological Identification Unit, Forensic Science Police Center 5, Muang, Lampang, 52000, Thailand. [5]DNA and Biological Identification Unit, Forensic Science Police Center 10, Hat Yai, Songkhla, 90110, Thailand. [6]Bureau of Forensic Biology, Central Institute of Forensic Science, Ministry of Justice, Lak Si, Bangkok, 10210, Thailand. [7]Forensic Genetics Unit, Department of Forensic Medicine, Faculty of Medicine, Chiang Mai University, Muang, Chiang Mai, 50200, Thailand. [8]Department of Forensic Medicine, Faculty of Medicine, Khon Kaen University, Muang, Khon Kaen, 40002, Thailand. [9]Human Genetics Unit, Department of Pathology, Faculty of Medicine Ramathibodi Hospital, Mahidol University, Ratchathewi, Bangkok, 10400, Thailand. [10]Division of Forensic Serology, Department of Forensic Medicine, Faculty of Medicine, Siriraj Hospital, Mahidol University, Bangkok Noi, Bangkok, 10700, Thailand. [11]Serology Unit, Department of Forensic Medicine, Faculty of Medicine, Chulalongkorn University, Pathum Wan, Bangkok, 10330, Thailand. [12]Department of Pathology, Faculty of Medicine, Prince of Songkla University, Hat Yai, Songkhla, 90110, Thailand.

*E-mail: mitojin@live.com

Songkla Med J 2014;32(4):207-217

[1]กลุ่มงานตรวจเลือดชีวเคมีและเขม่าดินปืน สถาบันนิติเวชวิทยา โรงพยาบาลตำรวจ เขตปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330 [2]กลุ่มงานตรวจชีววิทยาและดีเอ็นเอ กองพิสูจน์หลักฐานกลาง สำนักงานพิสูจน์หลักฐานตำรวจ สำนักงานตำรวจแห่งชาติ เขตปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330 [3]กลุ่มงานตรวจชีววิทยาและดีเอ็นเอ ศูนย์พิสูจน์หลักฐาน 3 อ.เมือง จ.นครราชสีมา 30000 [4]กลุ่มงานตรวจชีววิทยาและดีเอ็นเอ ศูนย์พิสูจน์หลักฐาน 5 อ.เมือง จ.ลำปาง 52000 [5]กลุ่มงานตรวจชีววิทยาและดีเอ็นเอ ศูนย์พิสูจน์หลักฐาน 10 อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา 90110 [6]สำนักตรวจพิสูจน์ทางชีววิทยา สถาบันนิติวิทยาศาสตร์ กระทรวงยุติธรรม เขตหลักสี่ กรุงเทพฯ 10210 [7]หน่วยนิติพันธุศาสตร์ ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ อ.เมือง จ.เชียงใหม่ 50200 [8]ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น อ.เมือง จ.ขอนแก่น 40002 [9]หน่วยมนุษย์พันธุศาสตร์ ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล เขตราชเทวี กรุงเทพฯ 10400 [10]สาขาวิชานิติชีโรโลยีและวัตถุพยาน ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล เขตบางกอกน้อย กรุงเทพฯ 10700 [11]หน่วยนิติเซโรวิทยา ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย เขตปทุมวัน กรุงเทพฯ 10330 [12]ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา 90110

รับต้นฉบับวันที่ 12 กันยายน 2556 รับลงตีพิมพ์วันที่ 30 มกราคม 2557

บทคัดย่อ:

วัตถุประสงค์: เพื่อประเมินผลการเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการประจำปี พ.ศ. 2555 สำหรับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ ได้แก่ autosomal short tandem repeat loci (aSTR) Y-chromosome short tandem repeat loci (Y-STR) X-chromosome short tandem repeat loci (X-STR) และดีเอ็นเอของไมโตคอนเดรีย (mitochondrial DNA: mtDNA)

วัสดุและวิธีการ: ประเมินผลการตรวจวิเคราะห์จากตัวอย่างตรวจเลือดบนแผ่นเยื่อ FTA® จำนวน 4 ตัวอย่าง มีห้องปฏิบัติการในประเทศไทยเข้าร่วมจำนวน 12 แห่ง เปรียบเทียบผลการตรวจจากห้องปฏิบัติการแต่ละแห่งกับผลการตรวจรวมที่สอดคล้องกันในแต่ละการทดสอบ

ผลการศึกษา: มีห้องปฏิบัติการเข้าร่วมเปรียบเทียบการทดสอบ aSTR, Y-STR, X-STR และ mtDNA จำนวน 12 (ร้อยละ 100.0) 8 (ร้อยละ 66.7) 6 (ร้อยละ 50.0) และ 7 (ร้อยละ 58.3) แห่ง ตามลำดับ การทดสอบ aSTR, Y-STR และ X-STR ในทุกห้องปฏิบัติการที่เข้าร่วมได้รูปแบบดีเอ็นเอที่เหมือนกัน อย่างไรก็ตาม การคำนวณค่าทางสถิติในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ และรูปแบบการรายงานผลของแต่ละห้องปฏิบัติการยังมีความแตกต่างกันค่อนข้างมาก ส่วน mtDNA พบว่าเป็นการทดสอบที่มีความคลาดเคลื่อนระหว่างห้องปฏิบัติการค่อนข้างมาก

สรุป: ควรจัดให้มีการฝึกอบรมด้านการวิเคราะห์ทางสถิติในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ของการทดสอบ aSTR Y-STR และ X-STR และจัดให้มีการอบรมเชิงปฏิบัติการสำหรับการทดสอบ mtDNA นอกจากนั้นควรมีการกำหนดแนวปฏิบัติมาตรฐานสำหรับการรายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ เพื่อให้ทุกห้องปฏิบัติการใช้เป็นแนวทางในการรายงานผลการทดสอบที่มีข้อมูลครบถ้วน สมบูรณ์ มากยิ่งขึ้น

คำสำคัญ: การเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการ, นิติเวชศาสตร์, ประเทศไทย, รูปแบบดีเอ็นเอ

Abstract:

Objective: To evaluate the results of the 2012 interlaboratory comparison for forensic deoxyribonucleic acid (DNA) typing including autosomal short tandem repeat loci (aSTR), Y-chromosome short tandem repeat loci (Y-STR), X-chromosome short tandem repeat loci (X-STR) and mitochondrial DNA (mtDNA).

Material and Method: The analysis was performed using 4 blood samples stored on FTA® cards. Twelve laboratories in Thailand participated in this study. The results from each participant were compared with the consensus results.

Results: The analysis of aSTR, Y-STR, X-STR and mtDNA were performed in 12 (100.0%), 8 (66.7%), 6 (50.0%) and 7 (58.3%) laboratories, respectively. All DNA profiles of aSTR, Y-STR and X-STR from all the participating laboratories showed the same STR profiles. However, the calculation of forensic DNA typing statistical values and the format of laboratory reports among these laboratories showed several variations. Only the mtDNA test showed some variations among the laboratories.

Conclusion: For aSTR, Y-STR and X-STR tests, the trainings in statistical calculation of forensic DNA typing are required. For mtDNA test, workshop training should be established. Furthermore, a standard guideline for forensic DNA typing reports should be released in order to provide all the necessary information in the laboratory reports.

Keywords: DNA typing, forensic, interlaboratory comparison, Thailand

บทนำ

การเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการสำหรับประเมินผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ในประเทศไทย ดำเนินการโดยเครือข่ายนิติพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย (Forensic deoxyribonucleic acid (DNA) network of Thailand) มาตั้งแต่ พ.ศ. 2553 มีการหมุนเวียนการเป็นเจ้าภาพระหว่างห้องปฏิบัติการในแต่ละสถาบัน สถาบันที่เป็นเจ้าภาพจัดการเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการต้องรับผิดชอบด้านการเตรียมตัวอย่างตรวจ การวิเคราะห์ผลการทดสอบ การสรุปผลการทดสอบ จัดทำรายงานผลการประเมิน พร้อมทั้งจัดประชุมเพื่ออภิปรายความคิดเห็น แจ้งผลการประเมินและระดมสมองเพื่อปรับปรุงและพัฒนาคุณภาพงานด้านการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ให้เป็นมาตรฐานไปในทิศทางเดียวกัน และลดความแตกต่างด้านการรายงานผลการทดสอบระหว่างห้องปฏิบัติการ

สำหรับปี พ.ศ. 2555 กลุ่มงานตรวจเลือดและเขม่าดินปืน สถาบันนิติเวชวิทยา โรงพยาบาลตำรวจ สำนักงานตำรวจแห่งชาติเป็นเจ้าภาพ จัดการเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการสำหรับประเมินผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ ได้แก่ การทดสอบ aSTR Y-STR X-STR และ mtDNA รายงานนี้มุ่งเน้นการวิเคราะห์สาเหตุความคลาดเคลื่อนของผลการทดสอบระหว่างห้องปฏิบัติการของแต่ละสถาบัน เพื่อหาแนวทางในการปรับปรุงให้การตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ในภาพรวมของประเทศไทยมีมาตรฐานเทียบเคียงกันตลอดจนพัฒนารูปแบบการรายงานผลการทดสอบให้มีความสอดคล้องและมีความเป็นเอกภาพมากยิ่งขึ้น

วัสดุและวิธีการ

การเตรียมตัวอย่าง

จัดเตรียมตัวอย่างตรวจจาก 1 ครอบครัว ประกอบด้วย พ่อ (Sample 1-2012) แม่ (Sample 2-2012) ลูกชาย (Sample 3-2012) และลูกสาว (Sample 4-2012) โดยเจาะเลือดจากบุคคลทั้งสี่ หยดลงบนแผ่นเยื่อ FTA® (Whatman® ประเทศสหรัฐอเมริกา) จำนวน 3 หยด หยดละ 30 ไมโครลิตร ตั้งไว้ให้แห้งที่อุณหภูมิห้อง บรรจุในซองกระดาษพร้อมสารดูดความชื้น ปิดผนึก และจัดเก็บไว้ที่อุณหภูมิห้อง จัดส่งให้ห้องปฏิบัติการที่เข้าร่วมจำนวน 12 ห้องปฏิบัติการ เพื่อให้ทำการทดสอบ aSTR, Y-STR, X-STR และ mtDNA

การตรวจทางห้องปฏิบัติการ

แต่ละห้องปฏิบัติการดำเนินการตรวจ aSTR, Y-STR, X-STR และ mtDNA ตามวิธีปกติที่ใช้ในห้องปฏิบัติการ พร้อมทั้งมีการคำนวณค่าทางสถิติ และแปลผลการทดสอบ เพื่อหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างตัวอย่างตรวจทั้งสี่ โดยมีตำแหน่งตรวจดังแสดงในตารางที่ 1

ผลการศึกษา

aSTR

มีห้องปฏิบัติการที่เข้าร่วมเปรียบเทียบผลการตรวจพิสูจน์ aSTR จำนวน 12 ห้องปฏิบัติการ ทำการทดสอบ aSTR ตั้งแต่ 10-15 ตำแหน่ง (ตารางที่ 2) ในจำนวนนี้มีห้องปฏิบัติการเพียง 1 แห่ง (ร้อยละ 8.3) ที่ทดสอบด้วยวิธีย้อมสีเจล ส่วนที่เหลือ (ร้อยละ 91.7) เป็นการทดสอบโดยใช้เครื่องมืออัตโนมัติ มีห้องปฏิบัติการจำนวน 3 แห่ง (ร้อยละ 25.0) ไม่คำนวณค่าทางสถิติและไม่เขียนการแปลผลการทดสอบความสัมพันธ์ทางสายเลือด ดังแสดงในตารางที่ 3

Y-STR

มีห้องปฏิบัติการจำนวน 8 แห่ง (ร้อยละ 66.7) เข้าร่วมเปรียบเทียบผลการตรวจพิสูจน์ Y-STR จำนวน 17 ตำแหน่ง ทุกห้องปฏิบัติการมีการรายงานรูปแบบดีเอ็นเอชนิด Y-STR สอดคล้องกันทุกตำแหน่ง ในจำนวนนี้มีห้องปฏิบัติการจำนวน 7 แห่ง (ร้อยละ 87.5) ที่มีการแปลผลการตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือด แต่มีห้องปฏิบัติการเพียงสองแห่งเท่านั้น (ร้อยละ 25.0) ที่มีการคำนวณค่าทางสถิติชนิด posterior probability (ตารางที่ 2)

ตารางที่ 1 ตำแหน่ง aSTR, Y-STR, X-STR และ mtDNA ที่ตรวจเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการ ประจำปี พ.ศ. 2555

aSTR	Y-STR	X-STR	mtDNA
Amelogenin	DYS19	DXS10103	HV I
CSF1PO	DYS385a/b	DXS3878	HV II
D2S1338	DYS389I	DXS7132	VR
D3S1358	DYS389II	DXS10134	HV III
D5S818	DYS390	DXS10074	-
D7S820	DYS391	DXS10101	-
D8S1179	DYS392	DXS10135	-
D13S317	DYS393	DXS7423	-
D16S539	DYS437	DXS10146	-
D18S51	DYS438	DXS10079	-
D19S433	DYS439	HPRTB	-
D21S11	DYS448	DXS10148	-
FGA	DYS456	DXS6801	-
D10S2325	DYS458	DXS6793	-
Penta E	DYS635	DXS6810	-
THO1	GATA H4	DXS6789	-
TPOX	-	DXS7423	-
vWA	-	GATA31E08	-
D19S253	-	DXS9902	-
-	-	DXS8977	-

X-STR

มีห้องปฏิบัติการจำนวน 6 แห่ง (ร้อยละ 50.0) เข้าร่วมเปรียบเทียบผลการตรวจพิสูจน์ X-STR ในจำนวนนี้มีหนึ่งห้องปฏิบัติการ (ร้อยละ 16.7) ที่ทดสอบ X-STR จำนวนรวม 20 ตำแหน่ง แยกเป็นวิธี fragment analysis ที่พัฒนาขึ้นใช้เองในห้องปฏิบัติการจำนวน 8 ตำแหน่ง และใช้น้ำยาสำเร็จรูปจำนวน 12 ตำแหน่ง ส่วนห้องปฏิบัติการที่เหลืออีก 5 แห่ง (ร้อยละ 83.3) ทดสอบจำนวน 12 ตำแหน่ง โดยใช้น้ำยาสำเร็จรูปบริษัทเดียวกัน อย่างไรก็ตาม ทุกห้องปฏิบัติการ (ร้อยละ 100) ตรวจวิเคราะห์รูปแบบดีเอ็นเอได้สอดคล้องกันทุกตำแหน่ง มีห้องปฏิบัติการ 4 แห่ง (ร้อยละ 80) ที่เขียนรายงานสรุปความสัมพันธ์ของตัวอย่างตรวจ และมีห้องปฏิบัติการเพียง 1 แห่งเท่านั้น (ร้อยละ 16.7) ที่มีการคำนวณค่าสถิติ posterior probability เพื่อใช้ประเมินความสัมพันธ์ทางสายเลือดระหว่างตัวอย่างตรวจ (ตารางที่ 2)

ตารางที่ 2 ผลการเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการประจำปี พ.ศ. 2555 สำหรับการทดสอบ aSTR, Y-STR, X-STR และ mtDNA จำนวน 12 แห่ง

Lab No.	aSTR				Y-STR				X-STR				mtDNA		
	จำนวนตำแหน่ง	รูปแบบดีเอ็นเอ	คำนวณสถิติ	การแปลผล	จำนวนตำแหน่ง	รูปแบบดีเอ็นเอ	คำนวณสถิติ	การแปลผล	จำนวนตำแหน่ง	รูปแบบดีเอ็นเอ	คำนวณสถิติ	การแปลผล	รูปแบบดีเอ็นเอ	คำนวณสถิติ	การแปลผล
1	15[a]	มี	มี	มี	17[c]	มี	ไม่มี	มี	12[d]	มี	ไม่มี	มี	มี	ไม่มี	มี
2	15[a]	มี	ไม่มี	ไม่มี	17[c]	มี	ไม่มี	ไม่มี	12[d]	มี	ไม่มี	ไม่มี	-	-	-
3	15[a]	มี	ไม่มี	ไม่มี	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	15[a]	มี	มี	มี	17[c]	มี	ไม่มี	มี	-	-	-	-	-	-	-
5	15[a]	มี	ไม่มี	ไม่มี	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	15[a]	มี	มี	มี	17[c]	มี	ไม่มี	มี	12[d]	มี	มี	ไม่มี	มี	ไม่มี	มี
7	10[b]	มี	มี	มี	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	15[a]	มี	มี	มี	-	-	-	-	-	-	-	-	มี	-	-
9	15[a]	มี	มี	มี	17[c]	มี	ไม่มี	มี	-	-	-	-	มี	ไม่มี	มี
10	15[a]	มี	มี	มี	17[c]	มี	มี	มี	12[d]	มี	ไม่มี	มี	มี	ไม่มี	มี
11	15[a]	มี	มี	มี	17[c]	มี	ไม่มี	มี	12[d]	มี	ไม่มี	มี	มี	ไม่มี	มี
12	15[a]	มี	มี	มี	17[c]	มี	มี	มี	20[e]	มี	ไม่มี	มี	มี	มี	มี
รวม		12/12 (100.0%)	9/12 (75.0%)	9/12 (75.0%)		8/12 (66.7%)	2/8 (25.0%)	7/8 (87.5%)		6/12 (50.0%)	1/6 (16.7%)	4/6 (66.7%)	7/12 (58.3%)	1/7 (14.3%)	6/7 (85.7%)

[a]จำนวนเครื่องหมายพันธุกรรม 15 ตำแหน่ง ได้แก่ Amelogenin, CSF1PO, D2S1338, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, FGA, THO1, TPOX และ vWA

[b]จำนวนเครื่องหมายพันธุกรรม 10 ตำแหน่ง ได้แก่ D3S1358, D5S818, D13S317, D16S539, D19S253, D10S2325, Penta E, THO1, TPOX และ vWA

[c]จำนวนเครื่องหมายพันธุกรรม 17 ตำแหน่ง ได้แก่ DYS19, DYS385a/b, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635 และ GATA H4

[d]จำนวนเครื่องหมายพันธุกรรม 12 ตำแหน่ง ได้แก่ DXS10103, DXS3878, DXS7132, DXS10134, DXS10074, DXS10101, DXS10135, DXS7423, DXS10146, DXS10079, HPRTB และ DXS10148

[e]จำนวนเครื่องหมายพันธุกรรม 20 ตำแหน่ง ได้แก่ DXS10103, DXS3878, DXS7132, DXS10134, DXS10074, DXS10101, DXS10135, DXS7423, DXS10146, DXS10079, HPRTB, DXS10148, DXS6801, DXS6793, DXS6810, DXS6789, DXS7423, GATA31E08, DXS9902 และ DXS8977

ตารางที่ 3 เปรียบเทียบรายละเอียดการตรวจ aSTR ระหว่างห้องปฏิบัติการประจำปี พ.ศ. 2555 จำนวน 12 แห่ง

Lab No.	วิธี	ฐานข้อมูล ลำดับที่	การคำนวณ ค่าทางสถิติ	การรายงานผล						
				Theta	ค่าสถิติ	การแปลผล	ค่าทางสถิติ ที่ระบุไว้ใน การสรุปผล	ระบุเชื้อชาติ ประชากรที่ เปรียบเทียบ	ระบุ prior prob	ระบุ ความสัมพันธ์ ของแม่ ไว้ในรายงาน
1	อัตโนมัติ	1[a]	มี	0.00	CPI/PP	มี	PP	ไม่มี	ไม่มี	มี
2	อัตโนมัติ	-	ไม่มี	-	-	ไม่มี	-	-	-	-
3	อัตโนมัติ	-	ไม่มี	-	-	ไม่มี	-	-	-	-
4	อัตโนมัติ	1[a]	มี	0.01	CPI/PP	มี	ไม่ระบุ	ไม่มี	ไม่มี	ไม่มี
5	อัตโนมัติ	-	ไม่มี	-	-	ไม่มี	-	-	-	-
6	อัตโนมัติ	1[a]	มี	0.00	CPI/PP	มี	PP	ไม่มี	ไม่มี	มี
7	ย้อมสีเจล	2[b]	มี	0.00	CPI/PP	มี	ไม่ระบุ	ไม่มี	ไม่มี	ไม่มี
8	อัตโนมัติ	1[a]	มี	0.00	CPI/PP	มี	PP	ไม่มี	ไม่มี	มี
9	อัตโนมัติ	1[a]	มี	0.00	CPI/PP	มี	PP	ไม่มี	ไม่มี	มี
10	อัตโนมัติ	1[a]	มี	0.00	CPI/PP	มี	PP	มี	มี	ไม่มี
11	อัตโนมัติ	1[a]	มี	0.00	CPI	มี	CPI	ไม่มี	ไม่มี	มี
12	อัตโนมัติ	1[a]	มี	0.01	CPI/PP	มี	PP	มี	มี	มี

[a]ฐานข้อมูลของ Shotivaranon และคณะ[2]

[b]ฐานข้อมูลจากโปรแกรม DNA identification system for mass fatality[3]

CPI=combined paternity index, PP=posterior probability

mtDNA

มีห้องปฏิบัติการจำนวน 7 แห่ง (ร้อยละ 58.3) เข้าร่วมเปรียบเทียบผลการตรวจดีเอ็นเอของไมโตคอนเดรีย โดยมีห้องปฏิบัติการเพียง 1 แห่ง (ร้อยละ 14.3) ที่ตรวจดีเอ็นเอของไมโตคอนเดรียครบทั้ง control region ขณะที่ห้องปฏิบัติการที่เหลือ (ร้อยละ 85.7) ตรวจเฉพาะบริเวณ hypervariable region I (HV I) และ hypervariable region II (HVII) เมื่อพิจารณาตำแหน่งที่แตกต่างจาก revised Cambridge reference strand (rCRS) ที่บันทึกได้สอดคล้องกันมากที่สุด (consensus sequence) เป็นตำแหน่งที่ถูกต้อง จะมีห้องปฏิบัติการเพียง 3 แห่ง (ร้อยละ 42.9) รายงานตำแหน่งตรวจได้ถูกต้องทุกตำแหน่ง และมีห้องปฏิบัติการ 4 แห่ง (ร้อยละ 57.1) มีการรายงานตำแหน่งคลาดเคลื่อนไป ในจำนวนนี้มีห้องปฏิบัติการ 1 แห่ง (ร้อยละ 14.3) ที่มีการเปรียบเทียบกับสายดีเอ็นเออ้างอิงผิดพลาด โดยไม่ได้เทียบกับ rCRS ทำให้รายงานรูปแบบดีเอ็นเอที่แตกต่างออกไป มีห้องปฏิบัติการ 1 แห่ง (ร้อยละ 14.3) ที่พบปัญหาการตรวจดีเอ็นเอของไมโตคอนเดรียบริเวณ C-stretch ของ HV I และ HV II มีห้องปฏิบัติการ 1 แห่ง (ร้อยละ 14.3) พบปัญหาการตรวจบริเวณ C-stretch ของ HV I อย่างเดียว โดยยังคงรายงานผลการตรวจบริเวณ C-stretch ของ HV II ได้ถูกต้อง และมีห้องปฏิบัติการ 1 แห่ง (ร้อยละ 14.3) ที่มีปัญหาการอ่านผลการตรวจบริเวณตำแหน่งที่ 172-178 (ตารางที่ 4)

วิจารณ์

ห้องปฏิบัติการที่เข้าร่วมเปรียบเทียบการทดสอบ aSTR ระหว่างห้องปฏิบัติการประจำปี พ.ศ. 2555 จำนวน 9 แห่ง (ร้อยละ 75) มีการคำนวณค่าทางสถิติ combined paternity index (CPI) และ/หรือ posterior probability ในจำนวนนี้มีห้องปฏิบัติการจำนวน 2 แห่ง (ร้อยละ 22.2) ประมาณการค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วม (coancestry coefficient) ที่ระดับ 0.01 ขณะที่ห้องปฏิบัติการส่วนใหญ่ (ร้อยละ 77.8) ประมาณการค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วมที่ระดับ 0.00 ทำให้การคำนวณค่าทางสถิติ CPI แตกต่างกันประมาณ 2.6-2.7 เท่า เมื่อเปรียบเทียบความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกชาย และพ่อ-แม่-ลูกสาว ตามลำดับ การใช้ค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วมมักไม่มีผลกระทบต่อค่าความถูกต้องของการทดสอบทั้งด้านความไว และความจำเพาะของวิธีทดสอบ ทั้งนี้เนื่องจากระดับตัดสินใจที่ posterior probability เท่ากับร้อยละ 99 สามารถแยกกลุ่มที่เป็นพ่อ แม่ ลูก ออกจากกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์เป็นญาติกันได้เด็ดขาด ปัจจุบันยังไม่เคยมีรายงานค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วมในประชากรไทย จึงทำให้ไม่ทราบค่าที่แท้จริงของค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วม ดังนั้นการใช้ประมาณการค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วมที่ระดับ 0.01 น่าจะเป็นระดับที่เหมาะสม เนื่องจากเป็นการสะท้อนสภาพที่แท้จริงของประชากรไทย ซึ่งมีจำนวนประชากรมาก มีวัฒนธรรมแบบเปิด ไม่มีข้อกำหนดสนับสนุนให้มีการแต่งงานร่วมกันภายในกลุ่มประชากรเดียวกัน อย่างไรก็ตาม คณะทำงานวิทยาศาสตร์ด้านวิธีการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ (Scientific Working Group on DNA Analysis Methods: SWGDAM) แนะนำให้ประมาณการค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วมที่ระดับ 0.01-0.03[1]

รายงานความถี่อัลลีลของ aSTR ในประชากรไทยมีอย่างน้อย 4 รายงาน[2-5] แต่มีการใช้งานจริงในห้องปฏิบัติการเพียง 2 ฐานข้อมูลเท่านั้น ได้แก่ ฐานข้อมูลความถี่อัลลีลของ aSTR จำนวน 15 ตำแหน่งในประชากรไทยที่ศึกษาโดย Shotivaranon และคณะ[2] และฐานข้อมูลความถี่อัลลีลของ aSTR จำนวน 24 ตำแหน่งในประชากรไทยที่ใช้ในโปรแกรมคำนวณค่าทางสถิติ DNA identification system for mass fatality[3] ซึ่งพัฒนาโดยมหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ห้องปฏิบัติการส่วนใหญ่ (ร้อยละ 88.9) คำนวณค่าทางสถิติ CPI โดยใช้ฐานข้อมูลของ Shotivaranon และคณะ เนื่องจากมีจำนวนตัวอย่างที่ใช้ศึกษาจำนวนมากถึง 923 ราย และมีการกระจายตัวของตัวอย่างที่ศึกษาทั่วประเทศไทย มีห้องปฏิบัติการเพียง 1 แห่งเท่านั้น (ร้อยละ 11.1) ที่ใช้ความถี่อัลลีลจากฐานข้อมูล

ตารางที่ 4 ผลการเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการประจำปี พ.ศ. 2555 จำนวน 7 แห่ง สำหรับการทดสอบ mtDNA

Lab No	HV I (16024-16365)											VR (16366-72)	HV II (73-340)															HV III (341-580)		สาเหตุที่ผลไม่สอดคล้อง
	16140	16172	16182	16183	16189	16224	16261	16262	16266	16267	16321	16519	73	149	172	174	175	176	177	178	194	209	210	263	309	310	315	523	524	
1	C	-	C	C	C	-	T	-	A	-	-	-	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	G	.1C	-	.1C	-	-	ผลสอดคล้อง
6	C	-	C	C	C	-	T	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	G	-	-	-	-	-	มีปัญหาการอ่านผลบริเวณ C-stretch ของ HV II
8	-	T	C	-	-	C	-	T	-	A	C	-	-	C	-	-	-	-	-	-	T	G	-	-	-	-	-	-	-	ไม่เปรียบเทียบกับสายอ้างอิง rCRS
9	C	-	C	C	C	-	T	-	A	-	-	-	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	G	.1C	-	.1C	-	-	ผลสอดคล้อง
10	C	-	-	-	-	-	T	-	A	-	-	-	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	G	-	-	-	-	-	มีปัญหาการอ่านผลบริเวณ C-stretch ของ HV I และ HV II
11	C	-	C	C	C	-	T	-	A	-	-	-	G	-	G	T	C	G	G	G	-	-	G	G	.1C	-	.1C	-	-	มีการปนเปื้อนของผลิตภัณฑ์ PCR หรือกำจัด primer ออกไม่หมด
12	C	-	C	C	C	-	T	-	A	-	-	C	G	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	G	.1C	-	.1C	D	D	ผลสอดคล้อง

ตำแหน่งที่มีสีเข้ม คือ ตำแหน่งที่มีผลการตรวจระหว่างห้องปฏิบัติการสอดคล้องกันมากที่สุด (consensus sequence)

HV=hypervariable region, VR=variable region, A=adenine, T=thymine, C=cytosine, G=guanine, D=deletion

โปรแกรม DNA identification system for mass fatality ทั้งนี้เนื่องจากห้องปฏิบัติการแห่งนี้ทดสอบด้วยน้ำยาที่พัฒนาขึ้นใช้เอง มีตำแหน่งเครื่องหมายดีเอ็นเอตรวจที่แตกต่างจากการใช้น้ำยาสำเร็จรูปทั่วไป จึงทำให้ไม่สามารถใช้ฐานข้อมูลของ Shotivaranon และคณะ ได้

รูปแบบการรายงานผลการตรวจ aSTR มีความแตกต่างกันระหว่างห้องปฏิบัติการค่อนข้างมาก มีทั้งรูปแบบที่ระบุค่าทางสถิติ posterior probability (ร้อยละ 66.7) ค่าสถิติ CPI (ร้อยละ 11.1) หรือไม่ระบุค่าทางสถิติ (ร้อยละ 22.2) (ตารางที่ 3) แม้ว่ารูปแบบการรายงานผลจากทุกห้องปฏิบัติการเป็นการแปลผลการทดสอบความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูก โดยมีการคำนวณค่าทางสถิติ CPI แบบ one parent test of trios case แต่มีห้องปฏิบัติการจำนวน 3 แห่ง (ร้อยละ 33.3) ที่ไม่มีการระบุความสัมพันธ์ของแม่ไว้ในการสรุปผลการทดสอบ และมีห้องปฏิบัติการเพียง 2 แห่งเท่านั้น (ร้อยละ 22.2) ที่ระบุว่าการคำนวณค่าทางสถิติ CPI เป็นการคำนวณเปรียบเทียบข้อมูลกับบุคคลอื่นที่ไม่มีความสัมพันธ์เป็นญาติกันในกลุ่มประชากรไทย และมีการระบุการสันนิษฐานค่า prior probability ไว้ในการสรุปผลการทดสอบ ทำให้เป็นรูปแบบการรายงานผลที่สมบูรณ์ มีข้อมูลพื้นฐานที่เกี่ยวข้องครบถ้วน ผู้ใช้งานสามารถทำความเข้าใจพื้นฐานการคำนวณ และข้อจำกัดของการใช้งานได้เป็นอย่างดี

มีห้องปฏิบัติการจำนวน 8 แห่งจาก 12 แห่ง (ร้อยละ 66.7) ที่เข้าร่วมการเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการ สำหรับตรวจพิสูจน์ Y-STR จำนวน 17 ตำแหน่ง โดยทุกห้องปฏิบัติการที่เข้าร่วมการเปรียบเทียบ Y-STR ระหว่างห้องปฏิบัติการ (ร้อยละ 100) มีการสรุปผลการทดสอบแสดงความสัมพันธ์ทางสายเลือดร่วมบรรพบุรุษสายพ่อเดียวกัน เพียงแต่มีการใช้ข้อความแสดงความสัมพันธ์ที่แตกต่างกัน ในจำนวนนี้มีห้องปฏิบัติการเพียง 2 แห่งเท่านั้น (ร้อยละ 25.0) ที่มีการคำนวณค่าทางสถิติ posterior probability มีการระบุกลุ่มประชากรที่ใช้ในการคำนวณค่าทางสถิติเปรียบเทียบและแสดงค่าสถิติ prior probability ไว้ในรายงานสรุปผลการทดสอบด้วย ทำให้ได้รูปแบบการรายงานผลการทดสอบที่มีข้อมูลพื้นฐานครบถ้วนสมบูรณ์ ดังนั้นการจัดให้มีการอบรมด้านการคำนวณทางสถิติในงานตรวจพิสูจน์ Y-STR หรือมีการกำหนดข้อมูลพื้นฐานที่ควรระบุไว้ในการรายงานผลการตรวจพิสูจน์ Y-STR น่าจะเป็นอีกแนวทางหนึ่งที่จะช่วยพัฒนาให้การตรวจพิสูจน์ Y-STR ของทุกห้องปฏิบัติการในประเทศไทยมีมาตรฐานที่ไม่แตกต่างกัน

การทดสอบ X-STR เริ่มดำเนินการในการเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการสำหรับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ ในปี พ.ศ. 2555 เป็นปีแรก มีห้องปฏิบัติการที่เข้าร่วมจำนวน 6 แห่ง (ร้อยละ 50.0) ตรวจพิสูจน์ X-STR จำนวน 12-20 ตำแหน่ง โดยมีผลการเปรียบเทียบรูปแบบดีเอ็นเอจำนวน 2 ตัวอย่าง สอดคล้องกันทุกตำแหน่ง มีห้องปฏิบัติการจำนวน 1 แห่ง มีการคำนวณค่าทางสถิติอย่างมีเงื่อนไขว่าเมื่อผลการตรวจ aSTR เปรียบเทียบความสัมพันธ์ทางสายเลือดได้ค่า posterior probability น้อยกว่าร้อยละ 99.9 จะมีการคำนวณค่าทางสถิติ likelihood ratio และ posterior probability จาก X-STR โดยใช้ข้อมูลความถี่อัลลีลของ X-STR จากฐานข้อมูลประชากรเยอรมัน[6] ขณะที่ห้องปฏิบัติการส่วนใหญ่ (ร้อยละ 83.3) ยังไม่มีการคำนวณทางสถิติ เนื่องจากยังไม่มีรายงานความถี่อัลลีลของ X-STR ในประชากรไทย ประกอบกับมีรายงานว่า โครโมโซมเอ็กซ์สามารถแบ่งได้เป็น 4 กลุ่ม (linkage) โดยแต่ละกลุ่มมีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากรุ่นพ่อแม่ไปยังรุ่นลูกแบบเป็นอิสระต่อกัน การคำนวณค่าทางสถิติในแต่ละกลุ่มจึงมีลักษณะเหมือนการถ่ายทอดพันธุกรรมของ aSTR ส่วนภายในกลุ่มเดียวกันจะมีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมจากรุ่นพ่อแม่ไปยังรุ่นลูกแบบไม่เป็นอิสระต่อกัน ทำให้การคำนวณค่าทางสถิติภายในกลุ่มเดียวกัน จำเป็นต้องคำนวณแบบเดียวกับการถ่ายทอดพันธุกรรมของไมโตคอนเดรีย หรือ Y-STR[7] ดังนั้นกลุ่มห้องปฏิบัติการที่สามารถตรวจพิสูจน์ X-STR จึงควรมีการตกลงเกี่ยวกับจำนวนตำแหน่งของเครื่องหมายพันธุกรรม

ที่จะใช้ในการตรวจ X-STR และเป็นตำแหน่งใดบ้าง เพื่อให้เป็นมาตรฐานเดียวกันทั้งประเทศ และควรมีการศึกษาความถี่อัลลีลของตำแหน่งที่ตกลงกันในประชากรไทย เพื่อให้ทุกห้องปฏิบัติการสามารถใช้ค่าความถี่อัลลีลของ X-STR ในประชากรไทยคำนวณค่าทางสถิติเพื่อพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดได้

จากการเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการสำหรับการตรวจลำดับเบสบนไมโตคอนเดรียเพื่อใช้พิสูจน์ความสัมพันธ์ญาติร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน พบว่าการทดสอบนี้เป็นการทดสอบที่มีความคลาดเคลื่อนสูงที่สุดในจำนวน 4 การทดสอบที่มีการเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการประจำปี พ.ศ. 2555 โดยมีห้องปฏิบัติการที่รายงานผลได้ถูกต้องเมื่อเปรียบเทียบกับตำแหน่งที่รายงานผลสอดคล้องกันมากที่สุดเพียง 3 แห่ง ขณะที่ห้องปฏิบัติการที่เหลือมักพบว่ามีความคลาดเคลื่อนของการตรวจบริเวณ C-stretch ทั้งบริเวณ HV II และ HV I มากที่สุด อย่างไรก็ตามจากแนวปฏิบัติในการแปลผลการตรวจลำดับเบสบนไมโตคอนเดรียโดยคณะทำงานวิทยาศาสตร์ด้านวิธีการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ[5] กำหนดว่า ไม่จำเป็นต้องวิเคราะห์หาจำนวนเบสที่แน่นอนบริเวณ C-stretch ของ HV I แต่จำเป็นต้องวิเคราะห์หาจำนวนเบสที่แน่นอนบริเวณ C-stretch ของ HV II ปัญหาอีกประการหนึ่งได้แก่ การเปรียบเทียบกับสายดีเอ็นเออ้างอิงผิดพลาดโดยไม่ได้เปรียบเทียบกับสายดีเอ็นเออ้างอิง rCRS จึงทำให้ได้รูปแบบดีเอ็นเอบนไมโตคอนเดรียที่แตกต่างออกไป และปัญหาเชิงเทคนิคทางห้องปฏิบัติการที่เกิดจากการปนเปื้อนของดีเอ็นเอจากภายนอก หรือขั้นตอนการทำความสะอาด PCR product มีการกำจัด primer ออกไม่หมด จึงทำให้อ่านลำดับเบสได้ยากยิ่งขึ้น และมีความเสี่ยงสูงที่จะอ่านลำดับเบสได้ผิดพลาด ดังนั้นการทดสอบตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอของไมโตคอนเดรียจึงควรจัดให้มีการฝึกอบรมเชิงปฏิบัติการที่ครอบคลุมด้านกระบวนการตรวจวิเคราะห์ การอ่านผล การแปลผลการวิเคราะห์ทางสถิติ ตลอดจนการรายงานผลการทดสอบเพื่อให้ทุกห้องปฏิบัติการมีมาตรฐานการวิเคราะห์ที่สอดคล้องกัน หรือเป็นไปในรูปแบบเดียวกันมากยิ่งขึ้น

ผลประโยชน์ขัดกัน

การเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการสำหรับตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์เป็นกิจกรรมประจำปี ภายใต้การดูแลของเครือข่ายนิติพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย และไม่ได้รับทุนสนับสนุนกิจกรรมนี้จากบริษัทผู้ประกอบการที่เกี่ยวข้องกับงานด้านนิติวิทยาศาสตร์ ห้องปฏิบัติการจากทุกสถาบันมีอิสระอย่างเต็มที่ในการทำการทดสอบและรายงานผลโดยปราศจากการแทรกแซงจากภายนอก

สรุป

ควรจัดให้มีการฝึกอบรมด้านการวิเคราะห์ทางสถิติในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ของการทดสอบ aSTR Y-STR และ X-STR และจัดให้มีการอบรมเชิงปฏิบัติการสำหรับการทดสอบ mtDNA นอกจากนั้นควรมีการกำหนดแนวปฏิบัติมาตรฐานสำหรับการรายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ เพื่อให้ทุกห้องปฏิบัติการใช้เป็นแนวทางในการรายงานผลการทดสอบที่มีข้อมูลครบถ้วน สมบูรณ์ มากยิ่งขึ้น

กิตติกรรมประกาศ

คณะผู้รายงานขอขอบพระคุณ เครือข่ายนิติ-พันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย ที่ให้ความสนับสนุนการจัดกิจกรรมเปรียบเทียบระหว่างห้องปฏิบัติการสำหรับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ของประเทศไทยด้วยดีตลอดมา และขอขอบพระคุณเจ้าหน้าที่ห้องปฏิบัติการและเจ้าหน้าที่ประสานงานทุกท่าน จากห้องปฏิบัติการสมาชิกของเครือข่าย ได้แก่ (1) กลุ่มงานตรวจเลือดชีวเคมีและเขม่าดินปืน สถาบันนิติเวชวิทยา โรงพยาบาลตำรวจ (2) กลุ่มงานตรวจทางชีววิทยาและดีเอ็นเอ กองพิสูจน์หลักฐานกลาง สำนักงานพิสูจน์หลักฐานตำรวจ (3) กลุ่มงานตรวจทางชีววิทยาและดีเอ็นเอ ศูนย์พิสูจน์หลักฐาน 3 (นครราชสีมา) (4) กลุ่มงานตรวจทางชีววิทยาและดีเอ็นเอ ศูนย์พิสูจน์หลักฐาน 5 (ลำปาง) (5) กลุ่มงานตรวจทางชีววิทยาและดีเอ็นเอ

ศูนย์ตรวจพิสูจน์หลักฐาน 10 (สงขลา) (6) สำนักตรวจพิสูจน์ทางชีววิทยา สถาบันนิติวิทยาศาสตร์ กระทรวงยุติธรรม (7) ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ (8) ห้องปฏิบัติการภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น (9) หน่วยมนุษย์พันธุศาสตร์ ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล (10) หน่วยนิติซีโรโลยีวัตถุพยาน ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล มหาวิทยาลัยมหิดล (11) หน่วยนิติเซโรวิทยา ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย และ (12) หน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

เอกสารอ้างอิง

1. Scientific Working Group on DNA Analysis Methods. SWGDAM Interpretation Guidelines for Autosomal STR Typing by Forensic DNA Testing Laboratories [homepage on the Internet]. Washington D.C.: The Federal Bureau of Investigation; 2010 [cited 2013 Mar 1]. Available from: http://www.fbi.gov/about-us/lab/biometric-analysis/codis/swgdam.pdf
2. Shotivaranon J, Chirachariyavej T, Leetrakool N, et al. DNA database of populations from different parts in the Kingdom of Thailand. Forensic Sci Int Genet 2009; 4: e37 - 8.
3. DNA identification system for mass fatality [homepage on the Internet]. Chiang Mai: Chiang Mai University [cited 2013 Mar 1]. Available from: http://bioinfo.science.cmu.ac.th/forensic/
4. Charnpreechaya P. Allele frequencies and statistic analysis of 15 STR Loci in Thai population. Proceeding of the 3rd Graduate Conference; 2009 Aug 21; Silpakorn University [homepage on the Internet]. Bangkok: Graduate School, Silpakorn University; 2010 [cited 2013 Mar 1]. Available from: http://tar.thailis.or.th/handle/123456789/286
5. Rerkamnuaychoke B, Rinthachai T, Shotivaranon J, 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: 234 - 7.
6. Edelmann J, Lutz-Bonengel S, Naue J, et al. X-chromosomal haplotype frequencies of four linkage groups using the Investigator Argus X-12 Kit. Forensic Sci Int Genet 2012; 6: e24 - 34.
7. Szibor R, Krawczak M, Hering S, et al. Use of X-linked markers for forensic purposes. Int J Legal Med 2003; 117: 67 - 74.
8. The Federal Bereau of Investigation. Scientific Working Group on DNA Analysis Methods. Guidelines for Mitochondrial DNA (mtDNA) Nucleotide Sequence Interpretation. Forensic Sci Communication [serial on the Internet]. 2003 Apr [cited 2013 Mar 1]; 5(2). Available from: http://www.fbi.gov/about-us/lab/forensic-science-communications/fsc/april2003/index.htm/swgdammitodna.htm