

ความถี่ของแอลลีลและการวิเคราะห์ค่าสถิติจากลำดับซ้ำเรียงต่อเนื่องแบบสั้น บนออโตโซม จำนวน 15 ตำแหน่ง ของประชากรเมียนมาในประเทศไทย

Allele Frequencies and Statistical Analysis of 15 Autosomal STR

Loci of Myanmar Population in Thailand

ทยาวิรุ รมแก้ว^{1,2} และ สุนิษา โอบอ้อม^{3*}

Tayawee Romgaew^{1,2} and Sunisa Aobaom^{3*}

¹บัณฑิตศึกษา สาขาวิชานิติวิทยาศาสตร์ คณะสหเวชศาสตร์ มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต ประเทศไทย

²สำนักงานพิสูจน์หลักฐานตำรวจ กองพิสูจน์หลักฐานกลาง กลุ่มงานตรวจชีววิทยาและดีเอ็นเอ ประเทศไทย

³ภาควิชาเทคนิคการแพทย์ คณะสหเวชศาสตร์ มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต ประเทศไทย

¹Graduate Program in Forensic Science, Faculty of Allied Health Sciences, Thammasat University, Rangsit Campus, Thailand

²Biology and DNA Sub-Division, Central Police Forensic Science Division, Office of Police Forensic Science, Thailand

³Department of Medical Technology, Faculty of Allied Health Sciences, Thammasat University, Rangsit Campus, Thailand

บทคัดย่อ

การศึกษานี้มีจุดประสงค์เพื่อวิเคราะห์ความถี่ของแอลลีลจากลำดับซ้ำต่อเนื่องแบบสั้นบนออโตโซม (Autosomal Short Tandem Repeat; Autosomal STR) จำนวน 15 ตำแหน่ง และศึกษาลักษณะจีโนไทป์ ของประชากรเมียนมาในประเทศไทยที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทางสายเลือดทั้งหมด 150 ตัวอย่าง จากใช้ฐานข้อมูลดีเอ็นเอ กองพิสูจน์หลักฐานกลาง โดยคำนวณความถี่ของแอลลีลจากลำดับซ้ำต่อเนื่องแบบสั้นบนออโตโซม ที่ถูกตรวจสอบด้วยชุดตรวจ AmpFISTR Identifier plus PCR Amplification Kit (Thermo Fisher Scientific, USA) และ Investigator IDplex GO (Qiagen, DEU) ด้วยโปรแกรม STR-Genotype และ โปรแกรม STRAF ผลการศึกษาพบว่าทุกตำแหน่งเป็นไปตามสมมติฐานของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก ยกเว้นตำแหน่ง D2S1338 และ vWA มีความถี่ของแอลลีลที่วิเคราะห์ได้อยู่ในช่วง 0.0033 ถึง 0.5333 ค่าเฮเทอโรไซโกซิตีอยู่ในช่วง 0.6267 ถึง 0.8600 ค่า Probability of Identity อยู่ในช่วง 0.0304 ถึง 0.2081 และ ค่า Probability of paternity exclusion อยู่ในช่วง 0.3753 ถึง 0.7494 เมื่อนำความถี่ของแอลลีลและลักษณะจีโนไทป์ของประชากรเมียนมา ในประเทศไทย เปรียบเทียบกับประชากรเมียนมาที่อพยพเข้ามาในประเทศไทย ประชากรอเมริกาเชื้อสายแอฟริกา เชื้อชาติคอเคเซียน เชื้อชาติลาตินอเมริกา และเชื้อชาติเอเชีย ด้วยค่า Fst และกราฟ PCAพบว่าแต่ละประชากรมีการแยกกลุ่มแตกต่างกัน จากการศึกษาดังกล่าวพบว่ามีความเหมาะสม และมีความหลากหลายที่เพียงพอต่อการนำไปใช้เป็นค่าอ้างอิงในงานนิติวิทยาศาสตร์ได้ต่อไป

คำสำคัญ: ประชากรเมียนมาในประเทศไทย ลำดับซ้ำแบบสั้นบนออโตโซม ความถี่ของแอลลีล นิติพันธุศาสตร์

ABSTRACT

The aim of the present study is to investigate the allele frequencies of 15 using Autosomal Short Tandem Repeat (Autosomal STR) loci were established from 150 unrelated Myanmar Population in Thailand from the Central police forensic science database. Allele frequencies were calculated from Autosomal STR markers which verified by AmpFISTR Identifier plus PCR Amplification Kit (Thermo Fisher Scientific, USA) and Investigator IDplex GO kit (Qiagen, DEU). The results shown the allele frequencies were calculated under Hardy-Weinberg equilibrium except D2S1338 and vWA. It is found the allele frequencies range from 0.0033 to 0.5333, heterozygosity ranged from 0.6267 to 0.8600, probability of identity from 0.0304 to 0.2081, and probability of paternity exclusion from 0.3753 to 0.7494. The allele frequency and Genotype appearance of Myanmar populations in Thailand was compared with other countries including Myanmar population in China, African American, Caucasian, Hispanic and Asian by Fst and PCA analysis. The results demonstrated that there was the difference each population. This study is a powerful tool to be used as a reference in genetic forensic science.

KEYWORDS: Myanmar population in Thailand; autosomal STR; allele frequency; forensic genetics

*Corresponding Author: sunisa.aobaom@gmail.com

1. บทนำ

การทำงานทางด้านพันธุนิติวิทยาศาสตร์ในประเทศไทย ได้มีการตรวจดีเอ็นเอลำดับซ้ำเรียงต่อเนื่องแบบสั้นบนออโตโซม (Autosomal Short Tandem Repeat, Autosomal STR) ของบุคคลและวัตถุพยานที่เกี่ยวข้องกับคดีอาญาต่าง ๆ ทั่วประเทศ และได้เก็บรวบรวมภาพรวมดีเอ็นเอ (DNA profile) ไว้ในระบบฐานข้อมูลดีเอ็นเอที่กระจายอยู่ตามหน่วยงานต่าง ๆ ของประเทศไทยจากฐานข้อมูลความถี่ของแอลลีลที่มีบทบาทสำคัญในนิติพันธุศาสตร์อย่าง Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGAM) ได้กำหนดไว้ว่า การระบุการตรงกันของภาพรวมดีเอ็นเอ หรือการระบุความสัมพันธ์ทางเครือญาติที่ใช้ ลำดับซ้ำแบบสั้นบนออโตโซมจะต้องมีการวิเคราะห์ค่าทางสถิติไว้ด้วย (random match probability หรือ likelihood ratio) ซึ่งคำนวณโดยใช้ความถี่ของแอลลีล (SWGAM, 2017) ความถี่ของแอลลีลนั้นจะมีความแตกต่างกันในแต่ละประชากร โดยมีการศึกษาพบว่าความถี่ของแอลลีลของประชากรชาวอเมริกาเชื้อสายแอฟริกัน เชื้อชาติคอเคเซียน เชื้อชาติลาตินอเมริกา และเชื้อชาติเอเชีย มีความแตกต่างกัน (Hill *et al.*, 2013) และความถี่ของแอลลีลของประชากรสัญชาติเดียวกันยังมีความแตกต่างกันในแต่ละพื้นที่ (Shotivaranon *et al.*, 2009; Silva *et al.*, 2012; Xiang *et al.*, 2016) ค่า เฮเทอโรไซโกซิตี (Hobs) ค่า probability of identity (PI) probability of paternity exclusion (PPE) และการทดสอบสมมูลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (HWE) เป็นค่าที่บ่งชี้ถึงความหลากหลายของประชากร โดยค่า Hobs และ PPE มีค่ามาก แสดงให้เห็นว่าประชากรนั้นมีความหลากหลายสูง แต่ค่า PI มีค่ามาก จะแสดงให้เห็นว่าประชากรนั้นมีความหลากหลายต่ำ การทดสอบสมมูลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (HWE) แสดงให้เห็นว่าความถี่ของจีโนไทป์คงที่ และแสดงให้เห็นว่าตำแหน่งนั้นมีเฮเทอโรไซกัสแอลลีลมากกว่าโฮโมไซกัสแอลลีล (Butler, 2015) การศึกษาความถี่ของแอลลีลของ 609 ของประชากรเมียนมาที่อพยพเข้ามาในประเทศไทยจีน ของตำแหน่งลำดับซ้ำแบบสั้นบนออโตโซม จำนวน 19 ตำแหน่ง (Chen *et al.*, 2017) พบว่าค่า Power of discrimination (PD) อยู่ในช่วง 0.9807 ถึง 0.7801 ค่า PPE มีค่ามากกว่า 0.00000 และทุกตำแหน่งผ่านการทดสอบสมมูลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก ($\geq 0.05/10 = 0.0026$)

ซึ่งในปัจจุบันประเทศไทยไม่เพียงแต่เก็บฐานข้อมูลภาพรวมดีเอ็นเอของประชากรไทยเท่านั้น หากยังมีการเก็บฐานข้อมูลดังกล่าวในประชากรอื่น ๆ ไม่ว่าจะเป็น

ประชากรเมียนมา ลาว กัมพูชา หรือเวียดนาม เป็นต้น ซึ่งข้อมูลเหล่านี้เป็นข้อมูลที่ได้มาจากการเกิดคดีอาญาในประเทศไทย โดยการก่อคดีอาญาในประเทศนั้นไม่ได้มีเหตุมาจากคนไทยมีอยู่หลายคดีหนึ่งในนั้นคือการก่อคดีอาญาจากประชากรเมียนมาที่เข้ามาท่องเที่ยวหรืออพยพเข้ามา ทำงานในประเทศซึ่งในแต่ละปีมีประชากรเมียนมาอพยพเข้ามามีจำนวนมากโดยสถิติการอพยพเข้าประเทศด้วยวิธีถูกกฎหมายของประชากรดังกล่าวมีจำนวนเพิ่มขึ้นทุกปี โดยในปี 2557 มีจำนวนผู้อพยพ 1,031,643 คน ปี 2558 มีจำนวน 1,427,224 คน ปี 2559 มีจำนวน 1,597,878 คน และปี 2560 มีจำนวนมากถึง 2,062,277 คน มา คิดเป็นร้อยละ 69 ของแรงงานที่เข้ามาในประเทศไทย ซึ่งเป็นจำนวนผู้อพยพเข้าประเทศที่สูงที่สุด เมื่อเปรียบเทียบกับกลุ่ม ประชากรอพยพจากกัมพูชา และลาว (Hartkins, 2019) แสดงให้เห็นถึงความสำคัญในการวิเคราะห์หาความถี่ของแอลลีลเพื่อใช้อ้างอิงในงานนิติวิทยาศาสตร์

ในประเทศไทยได้มีการวิเคราะห์ความถี่ของแอลลีลในกลุ่มประชากรต่าง ๆ ในไทยด้วยชุดตรวจต่าง ๆ เช่น การวิเคราะห์ความถี่ของแอลลีลของลำดับซ้ำเรียงต่อเนื่องแบบสั้นบนออโตโซมจำนวน 15 ตำแหน่ง โดยเก็บตัวอย่างประชากรไทย จำนวน 210 คน โดยใช้ชุดตรวจ AmpFLSTR Identifier PCR Amplification kit (Thermo Fisher Scientific, USA) (Rerkamnuaychoke *et al.*, 2006) การวิเคราะห์ความถี่ของแอลลีลของลำดับซ้ำเรียงต่อเนื่องแบบสั้นบนออโตโซม จำนวน 15 ตำแหน่ง ในประชากรไทย โดยเก็บตัวอย่างของประชากรไทยเชื้อสายเขมร จำนวน 31 คน และประชากรชนเผ่ากูย จำนวน 47 คน โดยใช้ชุดตรวจ AmpFLSTR Identifier PCR Amplification kit (Thermo Fisher Scientific, USA) (Chantakot *et al.*, 2017) หรือการวิเคราะห์ความถี่ของแอลลีลของลำดับซ้ำเรียงต่อเนื่องแบบสั้นบนออโตโซมจำนวน 21 ตำแหน่ง ในประชากรไทย โดยเก็บตัวอย่างประชากรไทยที่บริเวณสามจังหวัดชายแดนภาคใต้จำนวน 249 คน โดยใช้ชุดตรวจ GlobalFiler PCR Amplification Kit (Thermo Fisher Scientific, USA) (Boonderm *et al.*, 2017) เป็นต้น

จากการศึกษาข้างต้นชี้ให้เห็นว่าการวิเคราะห์ความถี่ของแอลลีลในแต่ละเชื้อชาติมีความจำเป็นอย่างยิ่งอีกทั้งประเทศไทยยังไม่เคยมีการศึกษาข้อมูลค่าความถี่ของแอลลีลของประชากรเมียนมาในประเทศไทยมาก่อน ทำให้งานวิจัยครั้งนี้ได้ทำการศึกษาค้นคว้าความถี่ของแอลลีลและการวิเคราะห์ค่าสถิติจากลำดับซ้ำเรียงต่อเนื่องแบบสั้นบน

ออโทโซม จำนวน 15 ตำแหน่ง ของประชากรเมียนมาในประเทศไทย โดยทำการเก็บข้อมูลภาพรวมดีเอ็นเอของลำดับซ้ำแบบสั้นย้อนหลังตั้งแต่ปี พ.ศ. 2557 ถึง พ.ศ. 2562 จากฐานข้อมูลดีเอ็นเอ กองพิสูจน์หลักฐานกลาง จำนวน 150 คน เพื่อวิเคราะห์ความถี่ของแอลลีลและค่าสถิติต่าง ๆ ประกอบด้วย ค่า Hobs, ค่า Pi ค่า PPE และการทดสอบความเป็น HWE โดยมีตำแหน่งที่วิเคราะห์จำนวน 15 ตำแหน่ง ดังนี้ D8S1179 D21S11 D7S820 CSF1PO D3S1358 TH01 D13S317 D16S539 D2S1338 D19S433 vWA TPOX D18S51 D5S818 และ FGA เพื่อให้สามารถปรับใช้เป็นค่าอ้างอิงสำหรับใช้ในการคำนวณค่าสถิติที่เกี่ยวข้องได้แม่นยำขึ้น และวิเคราะห์ลักษณะจีโนไทป์ของประชากรเมียนมาในประเทศไทย เพื่อใช้ประโยชน์ฐานข้อมูลดีเอ็นเอประชากรเมียนมาที่เกี่ยวข้องกับคดีอาญาในทางนิติวิทยาศาสตร์ต่อไป

2. วิธีการทดลอง

2.1 การเก็บรวบรวมข้อมูลภาพรวมดีเอ็นเอ

การศึกษานี้เก็บข้อมูลภาพรวมดีเอ็นเอของลำดับซ้ำแบบสั้นบนออโทโซม จำนวน 15 ตำแหน่ง จากประชากรสัญชาติเมียนมาที่อาศัยในประเทศไทย จำนวน 150 คน ที่ถูกบันทึกไว้ในฐานข้อมูลดีเอ็นเอ กองพิสูจน์หลักฐานกลาง โดยผู้วิจัยจะทราบข้อมูลเพียงภาพรวมดีเอ็นเอ สัญชาติ และเพศ เท่านั้น และจะลบข้อมูลหลังจากที่ดำเนินการวิจัยเสร็จสิ้น โดยภาพรวมดีเอ็นเอจากประชากรเมียนมาในประเทศไทยทั้ง 150 คน นั้น ถูกทดสอบโดยกลุ่มงานตรวจชีววิทยาและดีเอ็นเอ กองพิสูจน์หลักฐานกลาง สำนักงานพิสูจน์หลักฐานตำรวจ และบันทึกไว้ในฐานข้อมูลกลาง เป็นภาพรวมดีเอ็นเอที่ตรวจด้วยชุดน้ำยาสำเร็จรูป AmpFISTR Identifier plus PCR Amplification Kit (Thermo Fisher Scientific, USA) และ the Investigator IDplex GO kit (Qiagen, DEU) ที่มีตำแหน่งตรวจดังนี้ D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, TH01, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818 และ FGA (QIAGEN, 2012) โดยการศึกษาวิจัยนี้ผ่านกระบวนการพิจารณาจริยธรรมการวิจัยในคนจากคณะกรรมการจริยธรรมการวิจัยในคน มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ สาขาวิทยาศาสตร์ (COA No. 122/2563)

2.2 การวิเคราะห์ข้อมูลและคำนวณค่าสถิติ

ความถี่ของแอลลีล Hobs, PI, และ PPE วิเคราะห์จากภาพรวมดีเอ็นเอของประชากรเมียนมาในประเทศไทย 150 คน ด้วยโปรแกรม STR_Genotype เป็นการนำภาพรวมดีเอ็นเอจากอาสาสมัครวิเคราะห์โดยดาวน์โหลดโปรแกรมจาก <http://www.cstl.nist.gov/biotech/strbase/software.htm> (Hill et al., 2013) และการทดสอบของสมมติฐานฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (HWE) และการทดสอบ principal components analysis (PCA) ด้วยโปรแกรม STRAF ซึ่งสามารถคำนวณได้ผ่านทาง <http://cmpg.unibe.ch/shiny/STRAF/> (Gouy et al., 2017)

2.3 สูตรการคำนวณค่าสถิติประชากร

2.3.1 Observed Heterozygosity (Hobs)

ค่าที่บอกความหลากหลายของแอลลีลในตำแหน่งที่สนใจ โดยค่า Hobs มีมาก หมายความว่าความหลากหลายของแอลลีลที่ตำแหน่งที่สนใจมีสูง และมีโอกาสที่จะพบจีโนไทป์ที่เหมือนกันโดยบังเอิญในกลุ่มประชากรที่สนใจน้อย (Butler, 2017) มีสูตรคำนวณดังต่อไปนี้

$$H_{obs} = 1 - \frac{\text{จำนวนความถี่จีโนไทป์แบบโฮโมไซกัส}}{\text{จำนวนประชากรที่สนใจ}}$$

2.3.2 Probability of Identity (Pi)

ค่าความเป็นไปได้ที่บุคคล 2 คนจะมีจีโนไทป์ที่เหมือนกัน ในตำแหน่งที่สนใจโดยบังเอิญ (Butler, 2017) มีสูตรคำนวณดังต่อไปนี้

$$P_i = \sum \frac{\text{ความเป็นไปได้ของจีโนไทป์แต่ละจีโนไทป์}^2}{\text{ในตำแหน่งที่สนใจ}}$$

2.3.3 Probability of paternity exclusion (PPE)

ค่าความเป็นไปได้ที่จะคัดผู้ชายที่อาจจะเป็นบิดาโดยบังเอิญออก (Butler, 2017) มีสูตรคำนวณดังต่อไปนี้โดย p คือ ความถี่ของแอลลีล, i คือ แอลลีลที่สนใจ, n คือ จำนวนประชากรที่สนใจ

$$PPE = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n p_i^2 - 2(\sum_{i=1}^n p_i^2)^2 + 2 \sum_{i=1}^n p_i^4}{\sum_{i=1}^n p_i^3 + 3 \sum_{i=1}^n p_i^3 + 3 \sum_{i=1}^n p_i^2 \sum_{i=1}^n p_i^3}$$

3. ผลและวิจารณ์ผลการทดลอง

3.1 ความถี่ของแอลลีลของประชากรเมียนมาในประเทศไทยจำนวน 150 คน

จากการคำนวณค่าความถี่แอลลีลจากประชากรสัญชาติเมียนมาจำนวน จำนวน 150 คน ด้วยโปรแกรม STR_Genotype พบว่า ช่วงค่าความถี่แอลลีลที่พบอยู่ในช่วง 0.0033 ถึง 0.5333 (ตารางที่ 1) ซึ่งเมื่อทำการศึกษาถึงจำนวนของตัวอย่างภาพรวมดีเอ็นเอของบุคคล ของ Butler นั้น พบว่า การคำนวณค่าความถี่แอลลีลที่เหมาะสม สามารถวิเคราะห์ผลได้น่าเชื่อถือจะมีจำนวนตั้งแต่ 100-150 ตัวอย่าง (Butler, 2017) ซึ่งในการทดสอบนี้เป็นไปตามงานวิจัยดังกล่าวทำให้สามารถปรับใช้เป็นค่าอ้างอิง สำหรับใช้ในการคำนวณค่าสถิติที่เกี่ยวข้องได้แม่นยำได้

3.2 ค่าสถิติที่ได้จากการวิเคราะห์ประชากรเมียนมาในประเทศไทยจำนวน 150 คน

ค่าสถิติต่าง ๆ (Hobs, PI, และ PPE) ที่วิเคราะห์ด้วยโปรแกรม STR_Genotype ดังที่แสดงในตารางที่ 2 พบว่า ค่า Hobs พบว่าอยู่ในช่วง 0.6267 (ตำแหน่ง TPOX) ถึง 0.8600 (ตำแหน่ง D8S1179 และ ตำแหน่ง D2S1338) ค่า PI พบว่าอยู่ในช่วง 0.0304 (ตำแหน่ง FGA) ถึง 0.2081 (ตำแหน่ง TPOX) และค่า PPE พบว่าอยู่ในช่วง 0.7494 (ตำแหน่ง FGA) ถึง 0.3753 (ตำแหน่ง TPOX) จากค่าสถิตินี้แสดงให้เห็นว่า ตำแหน่ง TPOX เป็นตำแหน่งที่มีความหลากหลายน้อยที่สุดในกลุ่มประชากรเมียนมาในประเทศไทย ซึ่งสอดคล้องกับประชากรเมียนมาที่อพยพเข้ามาในประเทศจีนที่ตำแหน่ง TPOX เป็นตำแหน่งที่มีความหลากหลายน้อยที่สุด (Chen *et al.*, 2017)

การทดสอบสมมติฐานของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กด้วยโปรแกรม STRAF ดังที่แสดงในตารางที่ 1 พบว่า ทุกตำแหน่งผ่านการทดสอบสมมติฐานของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (HWE) ($P\text{-value} \geq 0.05$) ยกเว้นตำแหน่ง D2S1338 และ ตำแหน่ง vWA ซึ่งแสดงให้เห็นว่าในประชากรที่นำมาใช้ในการศึกษานี้มีโฮโมไซกัสแอลลีลมากกว่าเฮเทอโรไซกัสแอลลีล ทำให้ความหลากหลายของประชากรไม่มากพอที่จะวิเคราะห์ความถี่ของแอลลีลได้อย่างครบถ้วน ถ้ามีการเพิ่มปริมาณมากขึ้นจะส่งผลทำให้ตำแหน่ง D2S1338 และ ตำแหน่ง vWA จะทำให้มีความหลากหลายมากพอและผ่านการทดสอบสมมติฐานของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กได้

การทดสอบ principal components analysis (PCA) ด้วยโปรแกรม STRAF (HWE) เมื่อเปรียบเทียบกับ

ประชากรเมียนมาที่อพยพเข้ามาในประเทศจีน (รูปที่ 1) พบว่า ค่าความแตกต่างระหว่างประชากรย่อย (Fst) ของระหว่างทั้ง 2 ประชากร คือ 0.0008 แสดงให้เห็นถึงความแตกต่างพันธุกรรมมีความแตกต่างกันในระดับน้อยมาก (Wright, 1978; Hartl and Clark, 1997) และเมื่อนำมาวิเคราะห์ด้วย PCA แสดงให้เห็นว่าจุดศูนย์กลางของกราฟ PCA ของทั้งสองประชากรนั้นอยู่จุดเดียวกัน แต่พบว่าบางจุดของประชากรเมียนมาในประเทศไทย กระจายแยกออกจากประชากรเมียนมาที่อพยพเข้ามาในประเทศจีน แสดงให้เห็นว่า ทั้งสองประชากรมีความแตกต่างกันอยู่ ซึ่งอาจจะเป็นผลมาจากความแตกต่างของพื้นที่ของประชากรในกลุ่มเชื้อชาติเดียวกันที่จะมีความถี่ของแอลลีลแตกต่างกัน (Shotivaranon *et al.*, 2009; Silva *et al.*, 2012; Xiang *et al.*, 2016)

เมื่อเปรียบเทียบกับประชากรเชื้อชาติต่าง ๆ จากการศึกษาความถี่ของแอลลีลของประชากรอเมริกันเชื้อสายต่าง ๆ (Hill *et al.*, 2013) (รูปที่ 2) พบว่า ค่า Fst ของระหว่างประชากรเมียนมาในประเทศไทยกับประชากรชาวอเมริกาเชื้อสายแอฟริกัน เชื้อชาติคอเคเซียน เชื้อชาติลาตินอเมริกา คือ 0.0139, 0.0106, 0.0087 ตามลำดับ ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความแตกต่างพันธุกรรมระหว่างกลุ่มประชากร 2 กลุ่ม มีความแตกต่างกันระดับปานกลาง (Wright, 1978; Hartl and Clark, 1997) และเมื่อนำมาวิเคราะห์ด้วย PCA แสดงให้เห็นว่าจุดศูนย์กลางของกราฟ PCA ของประชากรชาวอเมริกาเชื้อสายแอฟริกัน เชื้อชาติคอเคเซียน เชื้อชาติลาตินอเมริกา มีจุดศูนย์กลางกราฟ PCA แยกออกจากกันอย่างชัดเจนจากกลุ่มประชากรเมียนมาในประเทศไทย ส่วนในกลุ่มประชากรเมียนมาที่อพยพเข้ามาในประเทศจีน และประชากรเชื้อชาติเอเชีย เมื่อเปรียบเทียบกับประชากรเมียนมาในประเทศไทย พบว่ามีค่า Fst อยู่ที่ 0.008 และ 0.0039 ตามลำดับ ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความแตกต่างพันธุกรรมมีความแตกต่างกันในระดับน้อยมาก (Wright, 1978; Hartl and Clark, 1997) และมีจุดศูนย์กลางเดียวกัน

จากผลการทดสอบข้างต้นแสดงให้เห็นว่า ประชากรชาวอเมริกาเชื้อสายแอฟริกัน เชื้อชาติคอเคเซียน เชื้อชาติลาตินอเมริกา และเชื้อชาติเอเชีย มีความแตกต่างกันในขณะที่ ประชากรเมียนมาในประเทศไทย ประชากรเมียนมาที่อพยพเข้ามาในจีน และประชากรเชื้อชาติเอเชียในอเมริกา มีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกัน จึงทำให้จุดศูนย์กลางของทั้ง 3 ประชากรอยู่ในจุดเดียวกัน อย่างไรก็ตามจุดกราฟบางจุดของทั้ง 3 ประชากรมีการกระจายแยกออกจากจุด

ตารางที่ 1 ความถี่ของแอลลีลประชากรเมียนมาในประเทศไทยจำนวน 150 คน

Allele	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818	FGA
6.0						0.1133									
7.0			0.0033			0.2267	0.0100							0.0267	
8.0	0.0033		0.1633	0.0067		0.0700	0.3300	0.0267			0.5333				
9.0			0.0800	0.0567		0.4633	0.1133	0.2267			0.1300			0.0933	
9.3						0.1033									
10.0	0.1533		0.1933	0.1867		0.0233	0.1333	0.1200				0.0400	0.0033	0.2100	
11.0	0.0533		0.2833	0.2800			0.1700	0.2533		0.0033		0.2667	0.0067	0.3500	
12.0	0.1200		0.2400	0.3567			0.1500	0.2233		0.0467		0.0300	0.0767	0.1767	
12.2										0.0167					
13.0	0.1733		0.0300	0.1067			0.0767	0.1367		0.2467	0.0033		0.1167	0.1267	
13.2										0.0633					
14.0	0.2167		0.0067	0.0067	0.0367		0.0167	0.0133		0.2733	0.1733		0.2167	0.0167	
14.2										0.1100					
15.0	0.1833				0.3000				0.0033	0.0700	0.0433		0.1900		
15.2										0.1167					
16.0	0.0767				0.3333				0.0033	0.0133	0.1867		0.1433		
16.2										0.0267					
17.0	0.0200				0.2433				0.0767		0.2600		0.0867		
17.2										0.0133					
18.0					0.0767				0.1167		0.1800		0.0367		0.0167
19.0					0.0100				0.1767		0.1167		0.0267		0.0633
20.0									0.1400		0.0367		0.0367		0.0667
20.2															0.0033
21.0									0.0433				0.0267		0.1500
21.2															0.0033
22.0									0.0600				0.0167		0.1633
22.2															0.0067
23.0									0.1700				0.0067		0.2000
23.2															0.0167
24.0									0.1433				0.0033		0.0933
24.2															0.0267
25.0									0.0600				0.0033		0.1167
25.2															0.0033
26.0									0.0033				0.0033		0.0600
27.0									0.0033						0.0100
28.0		0.0600													
28.2		0.0067													
29.0		0.2500													
30.0		0.2267													
30.2		0.0667													
31.0		0.0467													
31.2		0.0900													
32.0		0.0133													
32.2		0.1900													
33.2		0.0467													
34.2		0.0033													

ตารางที่ 2 ค่าสถิติต่าง ๆ ของประชากรเมียนมาในประเทศไทยจำนวน 150 คน

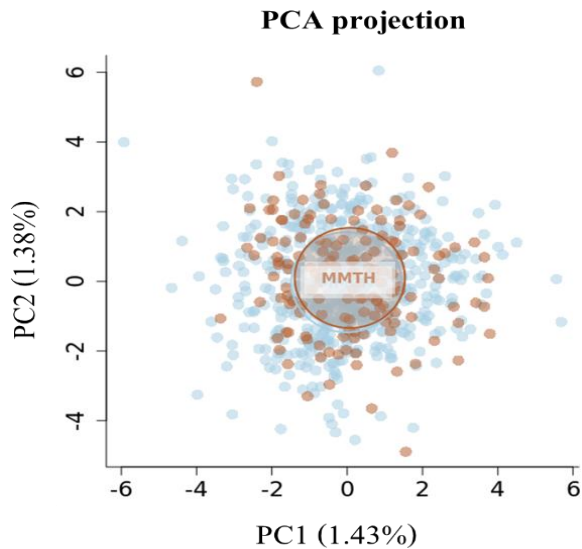
Population statistic	D8S1179	D21S11	D7S820	CSF1PO	D3S1358	TH01	D13S317	D16S539	D2S1338	D19S433	vWA	TPOX	D18S51	D5S818
H_{ex}	0.8600	0.8267	0.8267	0.8000	0.7733	0.6933	0.8133	0.8333	0.8600	0.7933	0.8000	0.6267	0.8400	0.8267
HWE	0.9250	0.2670	0.5060	0.7170	0.9650	0.5550	0.2440	0.3680	0.0010	0.7070	0.0100	0.3780	0.1250	0.7990
PI	0.0481	0.0528	0.0817	0.1127	0.1252	0.1231	0.0719	0.0782	0.0389	0.0525	0.0658	0.2081	0.0379	0.0880
PPE	0.6827	0.6645	0.5879	0.5165	0.4896	0.4829	0.6199	0.6038	0.7393	0.6635	0.6379	0.3753	0.7313	0.5729

ศูนย์กลาง แสดงให้เห็นว่า ทั้ง 3 ประชากรนี้ยังมีความแตกต่างกัน

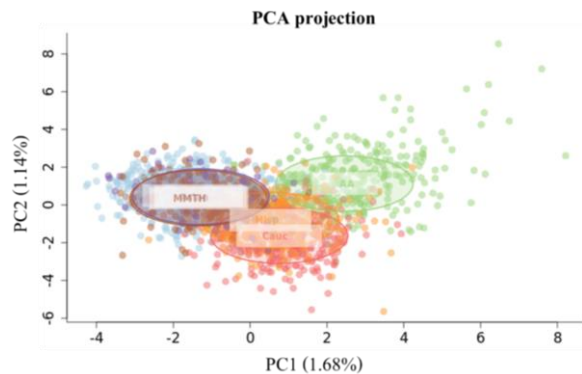
4. สรุปผลการทดลอง

จากการการศึกษาความถี่ของแอลลีลและค่าสถิติประชากรของประชากรเมียนมาในประเทศไทย จากประชากรเมียนมาในประเทศไทยจำนวน 150 คน ค่าสถิติประชากรของประชากรนี้ แสดงให้เห็นว่าตำแหน่ง TPOX เป็นตำแหน่งที่มีความหลากหลายน้อยที่สุดในกลุ่มประชากรเมียนมาในประเทศไทยและพบว่าตำแหน่ง D2S1338 และ ตำแหน่ง vWA ไม่ผ่านการทดสอบ HWE เนื่องจาก ตำแหน่งดังกล่าวนี้มีความหลากหลายของแอลลีลน้อย (Homozygous allele) จึงส่งผลทำให้ไม่ผ่าน

การทดสอบ HWE ซึ่งในงานวิจัยครั้งต่อไป หากเก็บตัวอย่างข้อมูลภาพรวมดีเอ็นเอของลำดับซ้ำแบบสั้นบนออโทโซมมากขึ้น อาจส่งผลให้ตำแหน่งทั้ง 2 สอง มีความหลากหลายที่มากขึ้นและสามารถผ่านการทดสอบ HWE ได้ แต่อย่างไรก็ตามค่าความถี่ของแอลลีลทั้งหมดก็ยังใช้ในการอ้างอิงในการวิเคราะห์ทางด้านสถิติในงานนิติวิทยาศาสตร์ได้ และเมื่อนำความถี่ของแอลลีลแต่ละประชากรมาเปรียบเทียบกับค่า F_{st} และกราฟ PCA ทำให้เห็นว่าประชากรเมียนมาในประเทศไทย ประชากรเมียนมาที่อพยพเข้าไปในประเทศไทย และประชากรเชื้อชาติเอเชีย กระจายอยู่ในกลุ่มเดียวกัน ซึ่งเป็นผลมาจากเชื้อชาติที่ใกล้เคียงกัน แต่ในขณะเดียวกัน พบว่าในแต่ละประชากรมีความแตกต่างกันระหว่างประชากรเมียนมา



รูปที่ 1 ผลการเปรียบเทียบด้วยกราฟ PCA ของประชากรเมียนมาในประเทศไทย (MMTH: ●) และประชากรเมียนมาที่อพยพเข้ามาในประเทศไทยจีน (MMCN: ●), PC คือ Principal component



รูปที่ 2 ผลการเปรียบเทียบด้วยกราฟ PCA ของประชากรเมียนมาในประเทศไทย (MMTH: ●) ประชากรเมียนมาที่อพยพเข้ามาในประเทศไทยจีน (MMCN: ●) ประชากรอเมริกาเชื้อสายแอฟริกา (AA: ●) เชื้อชาติคอเคเซียน (Cauc: ●) เชื้อชาติลาตินอเมริกา (Hispanic: ●) และเชื้อชาติเอเชีย (Asia: ●), PC คือ Principal component

ในประเทศไทยกับประชากรชาวอเมริกาเชื้อสายแอฟริกัน เชื้อชาติคอเคเซียน เชื้อชาติลาตินอเมริกา ซึ่งเป็นผลมาจากชาติพันธุ์ที่แตกต่างกัน

การทดสอบความถี่ของแอลลีลและการวิเคราะห์ค่าสถิติจากลำดับซ้ำเรียงต่อเนื่องแบบสั้นบนออโทโซมของแต่ละกลุ่มประชากรจึงมีความสำคัญ และมีความเป็นเอกลักษณ์ (uniqueness) ของแต่ละกลุ่มอย่างชัดเจน และสามารถใช้ในการนิติพันธุศาสตร์ได้ ดังนั้นความถี่ของแอลลีลของประชากรเมียนมาในประเทศไทยจะสามารถใช้ในการคำนวณค่าสถิติต่าง ๆ ได้อย่างเหมาะสม และสามารถเพิ่มความเชื่อถือในงานวิเคราะห์ด้านนิติพันธุศาสตร์ ไม่ว่าจะเป็นการทดสอบเอกลักษณ์บุคคล การทดสอบความเป็นพ่อ แม่ ลูก หรือ การทดสอบความเป็นเครือญาติ ต่อไปในอนาคต

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณการสนับสนุนข้อมูลภาพรวมดีเอ็นเอจากฐานข้อมูลดีเอ็นเอ สำนักงานพิสูจน์หลักฐานตำรวจ และความช่วยเหลือจากเจ้าหน้าที่กลุ่มงานตรวจชีววิทยาและดีเอ็นเอ กองพิสูจน์หลักฐานกลาง สำนักงานพิสูจน์หลักฐานตำรวจ

เอกสารอ้างอิง

- Boonderm, N., Suriyanratakorn, D., Sangpueng, S., Onthong, N., Nettakul, A., & Waiyawuth, W. (2017). Population genetic data of 21 STR markers in Thais of southern border provinces of Thailand. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 6, 523–525. <https://doi.org/10.1016/j.fsigss.2017.09.205>
- Butler, J. M. (2015). *Advance Topics in Forensic DNA Typing: Interpretation* (1st ed.). San Diego, USA: Elsevier.
- Chantakot, P., Pittauaporn, P., Srithongdaeng, K., Srithawong, S., & Kutanan, W. (2017). Genetic Divergence of Austroasiatic Speaking Groups in the Northeast of Thailand: A Case Study on Northern Khmer and Kuy. *Chiang Mai Journal of Science*, 44(4), 1279–1294.
- Chen, L., Duan, L., Yuan, L., Shen, Z., He, W., Zhai, D., Huang, Y., & Xu, B. (2017). Genetic polymorphisms of 19 autosomal STR loci in the China Burmese immigrants. *Forensic Science International: Genetics*, 31, 446–447. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.07.009>
- Gouy, A., & Zieger, M. (2017). STRAF – a convenient online tool for STR data evaluation in forensic genetics. *Forensic Science International: Genetics*, 30, 148–151. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2017.07.007>
- Harkins, B. (2019). *Thailand Migration Report 2019*. Bangkok, Thailand: Ainergy Studio Company Limited.
- Hartl, D. L., & Clark, A. G. (1997). *Principles of Population Genetics* (3rd ed.). Sunderland: Sinauer Associate.
- Hill, C. R., Duewer, D. L., Kline, M. C., Coble, M. D., & Butler, J. M. (2013). U.S. population data for 20 autosomal STR loci. *Forensic Science International: Genetics*, 7, 82–83. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2018.07.013>
- QIAGEN. (2012). *Investigator®IDplex Plus Handbook*. Germany: Poison Information Center Mainz.
- Rerkamnuaychoke, B., Rinthachai, T., Shotvaranon, J., Jomsawat, U., Sinboonpiputtana, T., Chaiachanarat, K., Pasomsut, E., & Chantrarat, W. (2006). Thai population data on 15 tetrameric STR. *Forensic Science International*, 158(2–3), 234–237.
- Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM). (2017). *SWGDM Interpretation Guidelines for Autosomal STR Typing by Forensic DNA Testing Laboratories*. Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM), USA. <https://www.swgdam.org/publications>
- Shotvaranon, J., Chirachariyavej, T., Leetrakool, N., & Rerkamnuaychoke, B. (2009). DNA database of populations from different parts in the Kingdom of Thailand. *Forensic Science International: Genetics*, 4, 37–38. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2009.02.009>
- Silva, N. M., Pereira, L., Poloni, E. S., & Currat, M. (2012). Human Neutral Genetic Variation and Forensic STR Data. *PLoS ONE*, 7(11), E49666. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049666>
- Wright, S. (1978). *Evolution and the Genetics of Populations, Variability Within and Among Natural Populations*. Chicago: University of Chicago Press.
- Xiang, C., Huang, L., Su, S., Fan, Y., & Yu, J. (2016). Genetic variation of the 20 STRs in Han population from Yunnan–Kweichow plateau of China. *Forensic Science International: Genetics*, 23, 10–11. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.03.003>