

ALLELE FREQUENCY ANALYSIS OF 23 AUTOSOMAL STR LOCI IN 150 CAMBODIAN MIGRANTS IN THAILAND

Nutthapicha SIRIPATOOMRUT¹, Tayawee ROMGAEW² and Sunisa AOBAOM^{3*}

1 Forensic Science, Faculty of Allied Health Sciences, Thammasat University Rangsit Campus, Pathum Thani, Thailand

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

3 Department of Medical Technology, Faculty of Allied Health Sciences, Thammasat University Rangsit Campus, Pathum Thani, Thailand; Sunisa.aobaom@gmail.com (Corresponding Author)

ARTICLE HISTORY

Received: 16 August 2024

Revised: 30 August 2024

Published: 13 September 2024

ABSTRACT

This study evaluated allele frequencies and forensic parameters of 23 autosomal short tandem repeat (aSTR) loci in 150 genotypes from a Cambodian population residing in Thailand, stored in the Thailand DNA database of the Office of Police Forensic Science. SE33 exhibited the highest degree of genetic polymorphism, making it the most informative locus, while TPOX was the least informative. The combined power of discrimination (CPD) and the combined power of exclusion (CPE) for the 23 aSTR loci were both at 0.9999. Therefore, the allele frequency data from this study can serve as a reference for identifying allele differences in other populations and can further enhance the accuracy of forensic human identification and kinship testing.

Keywords: Allele Frequency, Forensic Parameter, Cambodian Population in Thailand

CITATION INFORMATION: Siripatoomrut, N., Romgaew, T., & Aobaom, S. (2024). Allele Frequency Analysis of 23 Autosomal Str Loci in 150 Cambodian Migrants in Thailand. *Procedia of Multidisciplinary Research*, 2(9), 17

การวิเคราะห์ความถี่แอลลีลของ 23 ตำแหน่ง ของดีเอ็นเอลำดับซ้ำออโตโซม ในประชากรกัมพูชา 150 คน ที่อาศัยอยู่ในประเทศไทย

ณัฐพิชา สิริปทุมรัตน์¹, ทยาวิร์ รมแก้ว², สุนิษา โอบอ้อม^{3*}

1 สาขาวิชานิติวิทยาศาสตร์ คณะสหเวชศาสตร์ มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

2 กลุ่มงานตรวจชีววิทยาและดีเอ็นเอ กองพิสูจน์หลักฐานกลาง สำนักงานตำรวจแห่งชาติ

3 ภาควิชาเทคนิคการแพทย์ คณะสหเวชศาสตร์ มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์; Sunisa.aobaom@gmail.com
(ผู้ประพันธ์บรรณกิจ)

บทคัดย่อ

การศึกษาความถี่แอลลีลและค่าพารามิเตอร์ทางนิติวิทยาศาสตร์ของดีเอ็นเอชุดซ้ำบนออโตโซม จำนวน 23 ตำแหน่ง ของประชากรกัมพูชาในประเทศไทย จำนวน 150 ตัวอย่าง ที่ถูกเก็บรวบรวมไว้ในฐานข้อมูลดีเอ็นเอของสำนักงาน พิสูจน์หลักฐานตำรวจ จากการวิเคราะห์พบว่าตำแหน่ง SE33 เป็นตำแหน่งที่แสดงถึงความหลากหลายมากที่สุด และ ตำแหน่ง TPOX เป็นตำแหน่งที่แสดงความหลากหลายน้อยที่สุด เมื่อคำนวณค่า Combined power of discrimination (CPD) และค่า Combined power of exclusion (CPE) พบว่าทั้งสองค่ามีค่าเท่ากับ 0.9999 ตามลำดับ ดังนั้น ค่าความถี่ แอลลีลที่ศึกษาจะสามารถใช้เป็นค่าอ้างอิงในการค้นพบแอลลีลที่แตกต่างในประชากรอื่นได้ และยังสามารถนำไปช่วย สร้างความเชื่อมั่นในการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลและการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางเครือญาติต่อไป

คำสำคัญ: ความถี่แอลลีล, ค่าพารามิเตอร์ทางนิติวิทยาศาสตร์, ประชากรกัมพูชาในประเทศไทย

ข้อมูลการอ้างอิง: ณัฐพิชา สิริปทุมรัตน์, ทยาวิร์ รมแก้ว และ สุนิษา โอบอ้อม. (2567). การวิเคราะห์ความถี่แอลลีล ของ 23 ตำแหน่ง ของดีเอ็นเอลำดับซ้ำออโตโซมในประชากรกัมพูชา 150 คน ที่อาศัยอยู่ในประเทศไทย. *Procedia of Multidisciplinary Research*, 2(9), 17

บทนำ

ประเทศไทยเป็นประเทศที่มีอัตราการอพยพของคนต่างด้าวจากประเทศเพื่อนบ้านเป็นจำนวนมากไม่ว่าจะเป็น ลาว เมียนมา หรือกัมพูชา เป็นต้น การนำนิติวิทยาศาสตร์เข้ามาใช้ควบคู่ในกระบวนการยุติธรรมจึงมีความสำคัญอย่างยิ่งเพื่อเพิ่มคุณค่าของวัตถุพยานในการพิสูจน์ยืนยันตัวผู้กระทำผิดในคดีต่างๆ เทคโนโลยีด้านการตรวจดีเอ็นเอเป็นอีกหนึ่งเทคโนโลยีสำคัญที่นำมาใช้ในงานด้านนิติพันธุศาสตร์เพื่อพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล และเชื่อมโยงกับพยานหลักฐานต่างๆ จากมาตรฐาน Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM) กำหนดให้มีการรายงานผลการตรวจพิสูจน์เป็นค่าทางสถิติในกรณีที่มีการเข้ากันได้ของภาพรวมดีเอ็นเอระหว่างบุคคลและวัตถุพยาน (Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM), 2010) โดยค่าเหล่านี้จะต้องประกอบไปด้วยค่าหลัก คือ ค่าความถี่แอลลีล (allele frequency) เช่น ค่า Likelihood ratio หรือ ค่า Random match probability โดยค่าสถิติดังกล่าวเป็นค่าที่แสดงถึงความน่าเชื่อถือในการตรวจพิสูจน์และเป็นค่าที่ศาลสามารถเข้าใจได้ง่าย (Butler, 2005) ดังนั้น การศึกษาค่าความถี่ของแอลลีล (allele frequency) ในประชากรต่างๆ จะสามารถแสดงความหลากหลายทางพันธุกรรมและลักษณะประชากรได้ (พิมล เชี่ยวศิลป์, 2564) และเมื่อมีการพัฒนาตำแหน่งหลักบนออโตโซมให้มีจำนวนตำแหน่งมากยิ่งขึ้น การวิเคราะห์ค่าความถี่แอลลีลและค่าสถิติอื่นๆ จึงมีความสำคัญ ทำให้มีการศึกษาค่าความถี่แอลลีลของประชากรในแต่ละประเทศที่ตรวจด้วยชุดตรวจที่มีตำแหน่งมากขึ้น หรือเป็นปัจจุบันมากขึ้น ยกตัวอย่างเช่น การศึกษาประชากรในประเทศคูเวตโดยชุดตรวจ PowerPlex® Fusion 6C System พบว่า การใช้ชุดตรวจดังกล่าวเหมาะสำหรับการใช้ในการตรวจเอกลักษณ์บุคคลได้ดี และได้้นำค่าความถี่แอลลีลมาใช้เพื่อวิเคราะห์หาระยะห่างทางพันธุกรรมเทียบกับประเทศอื่นๆ (Haidar et al., 2021) แต่อย่างไรก็ดียังคงไม่มีการศึกษาค่าความถี่แอลลีลของประเทศเพื่อนบ้านอย่างกัมพูชา ซึ่งมีภูมิประเทศติดกับประเทศไทย และมีจำนวนประชากรกัมพูชาซึ่งอาศัยอยู่ในประเทศไทยเป็นอันดับสองรองลงมาจากประชากรพม่า อยู่ที่ประมาณ 116,496 คน ตามข้อมูลสถิติจำนวนแรงงานต่างด้าวที่ได้รับอนุญาตทั่วราชอาณาจักรไทยของกรมการจัดหางาน (สำนักบริหารแรงงานต่างด้าว, 2565) มีเพียงการศึกษาในกลุ่มมอญ-เขมรที่เป็นการศึกษาในกลุ่มตัวอย่างจำนวน 738 คน (Kampuansai et al., 2017) และเป็นข้อมูลการวิเคราะห์ผลด้วยชุดตรวจ PowerPlex® ESI16 kit (Promega, WI, USA) โดยวิเคราะห์ดีเอ็นเอชุดซ้ำบนออโตโซม จำนวน 15 ตำแหน่งจากการศึกษาข้างต้นชี้ให้เห็นว่า ความหลากหลายทางพันธุกรรมในแต่ละเชื้อชาตินั้นเกิดจากหลากหลายปัจจัย เช่น การอพยพย้ายถิ่นฐาน การตั้งรกรากของกลุ่มประชากรในประเทศ ดังนั้น การศึกษาค่าความถี่แอลลีลในเชื้อชาติอื่นที่อพยพเข้ามาในประเทศไทยจะแสดงให้เห็นความเหมือนหรือความแตกต่างในกลุ่มประชากรได้ อีกทั้งยังไม่มีมีการศึกษาค่าความถี่ของแอลลีลในประชากรกัมพูชาในประเทศไทยมากนัก และด้วยมีการพัฒนาชุดตรวจดีเอ็นเอชุดซ้ำที่ช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการตรวจโดยมีการเพิ่มตำแหน่งในการวิเคราะห์ ทางผู้วิจัยจึงศึกษาค่าความถี่แอลลีลของประชากรกัมพูชาในประเทศไทย จากข้อมูลรูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ถูกบันทึกไว้ในฐานข้อมูลดีเอ็นเอของศูนย์พิสูจน์หลักฐาน 1 สำนักงานพิสูจน์หลักฐาน เพื่อนำค่าทางสถิติที่ได้จากการวิเคราะห์ค่าความถี่แอลลีล และนำไปช่วยสร้างความเชื่อมั่นในการตรวจพิสูจน์ในงานทางด้านนิติวิทยาศาสตร์และสามารถใช้เป็นค่าอ้างอิงในการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลที่มีความจำเพาะของกลุ่มประชากรต่อไป

การทบทวนวรรณกรรม

ในปี ค.ศ. 2001 เริ่มมีการศึกษาค่าความถี่ของแอลลีลของประชากรบราซิล โดยสกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างเลือด และตรวจดีเอ็นเอชุดซ้ำเพียง 3 ตำแหน่ง คือ CSF1PO, TPOX, และ TH01 ด้วยชุดตรวจ the GenePrint™ STR Mul-tiplex System ของบริษัท Promega Corporation (Soares-Vieira et al., 2001) และในทวีปเอเชีย มีการศึกษาค่าความถี่แอลลีลมากมายหลากหลายประเทศ ซึ่งแต่ละประเทศนั้นสามารถให้ค่าความถี่แอลลีลที่แตกต่างกันได้ ตัวอย่างเช่น การศึกษาและเปรียบเทียบความถี่แอลลีลของประชากรภูฏานกับประเทศอินเดียและจีน โดยการวิเคราะห์ในดีเอ็นเอชุดซ้ำจำนวน 21 ตำแหน่ง พบว่า ในแต่ละตำแหน่งของแต่ละประชากร มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ $p\text{-value} <$

0.00004 หลังจากปรับแก้ค่าด้วยวิธี Bonferroni correction (Kraaijenbrink et al., 2007) อย่างไรก็ตาม แม้แต่ประชากรในประเทศเดียวกันก็มีความถี่ที่แตกต่างกันได้ ตัวอย่างเช่น การศึกษาความถี่ของแอลลีลในประชากรเมียนมาในประเทศไทย จากลำดับชุดซ้ำบนออโตโซม (autosomal STR) จำนวน 15 ตำแหน่ง เมื่อเปรียบเทียบกับแอลลีลของประชากรเมียนมาซึ่งอาศัยอยู่ในประเทศจีน พบว่า ที่ตำแหน่ง D7S820 มีแอลลีล 10.2 ที่พบเฉพาะในประชากรเมียนมาในประเทศไทยเท่านั้น อีกทั้งยังพบว่า แอลลีล 9.1 เป็นแอลลีลที่พบในประชากรเมียนมาในประเทศจีนเท่านั้น และในตำแหน่ง TPOX พบว่า มีความถี่แอลลีลที่ไม่สอดคล้องกันในสองประชากร คือ ความถี่แอลลีลต่ำที่สุดของตำแหน่ง TPOX ในประชากรเมียนมาในประเทศจีน คือ แอลลีล 7 (0.0009) แต่ประชากรเมียนมาในประเทศไทยพบว่าค่าความถี่แอลลีลต่ำที่สุด คือ แอลลีล 13 (0.0008) เป็นต้น (Romgaew & Aobaom, 2022) เมื่อมีการเพิ่มตำแหน่งหลักบนออโตโซมให้มีจำนวน 20 ตำแหน่ง ตามประกาศ The Combined DNA Index System (CODIS) ทำให้หลายบริษัททำการพัฒนาชุดตรวจให้ครอบคลุมตำแหน่งหลักตามที่กำหนด ยกตัวอย่างเช่น บริษัท Promega Corporation ผู้พัฒนาชุดน้ำยาสำเร็จรูปเพื่อใช้ในการตรวจดีเอ็นเอชุดซ้ำบนออโตโซมอย่าง PowerPlex® Fusion 6C System ซึ่งสามารถตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอชุดซ้ำบนออโตโซม จำนวน 23 ตำแหน่ง คือ CSF1PO, FGA, TH01, TPOX, vWA, D1S1656, D2S1338, D2S441, D3S1358, D5S818, D7S820, D8S1179, D10S1248, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, D22S1045, Penta E, Penta D และ SE33 ดังนั้น การวิเคราะห์ค่าความถี่แอลลีลและค่าสถิติอื่นๆ ด้วยชุดตรวจที่มีตำแหน่งมากขึ้นจึงมีความสำคัญ ทำให้มีการศึกษาความถี่แอลลีลของประชากรในแต่ละประเทศที่ตรวจด้วยชุดตรวจที่มีตำแหน่งมากขึ้น หรือเป็นปัจจุบันมากขึ้น ยกตัวอย่างเช่น การศึกษาประชากรในประเทศคูเวตโดยชุดตรวจ PowerPlex® Fusion 6C System พบว่าการใช้ชุดตรวจดังกล่าวเหมาะสำหรับใช้ในการตรวจเอกลักษณ์บุคคลได้ดี และได้นำค่าความถี่แอลลีลมาใช้เพื่อวิเคราะห์หาระยะห่างทางพันธุกรรมเทียบกับประเทศอื่นๆ อีกด้วย (Haidar et al., 2021) หรือการวิเคราะห์ข้อมูลประชากรโปรตุเกสด้วยชุดตรวจ GlobalFiler® Express amplification kit ซึ่งเป็นการตรวจดีเอ็นเอชุดซ้ำบนออโตโซม จำนวน 24 ตำแหน่ง (Almeida et al., 2015) แต่อย่างไรก็ดียังคงไม่มีการศึกษาความถี่แอลลีลของประเทศเพื่อนบ้านอย่างกัมพูชา ซึ่งมีจำนวนประชากรทั้งหมด 16,846,658 คน ในปี 2565 โดยข้อมูลจากองค์การสหประชาชาติ (United Nations, UN) ระบุว่า ปัจจุบันมีจำนวนประชากรโลกรวมทั้งสิ้น 8,045,311,447 (United Nations, 2022) คนประเทศกัมพูชานั้น มีภูมิประเทศติดกับประเทศไทย และมีจำนวนประชากรกัมพูชาซึ่งอาศัยอยู่ในประเทศไทยเป็นอันดับสองรองลงมาจากประชากรพม่า อยู่ที่ประมาณ 116,496 คน ตามข้อมูลสถิติจำนวนแรงงานต่างด้าวที่ได้รับอนุญาตจากราชอาณาจักรไทยของกรมการจัดหางาน (สำนักบริหารแรงงานต่างด้าว, 2565) มีเพียงการศึกษาในกลุ่มมอญ-เขมร ซึ่งเป็นการศึกษาในกลุ่มตัวอย่างจำนวน 738 คน อีกทั้งเป็นข้อมูลการวิเคราะห์ผลด้วยชุดตรวจ PowerPlex® ESI16 kit (Promega, USA) ซึ่งเป็นการวิเคราะห์ดีเอ็นเอชุดซ้ำบนออโตโซม จำนวน 15 ตำแหน่ง เท่านั้น (Kampuansai et al., 2017)

จากการศึกษาข้างต้นชี้ให้เห็นว่าความหลากหลายทางพันธุกรรมในแต่ละเชื้อชาตินั้นเกิดจากหลากหลายปัจจัย เช่น การอพยพย้ายถิ่นฐาน การตั้งรกรากของกลุ่มประชากรในประเทศ ดังนั้นการศึกษาความถี่แอลลีลในเชื้อชาติอื่นที่อพยพเข้ามาในประเทศไทยจะแสดงให้เห็นความเหมือนหรือความแตกต่างในกลุ่มประชากรได้ อีกทั้งยังไม่มีการศึกษาความถี่ของแอลลีลในประชากรกัมพูชาในประเทศไทยมากนัก และด้วยมีการพัฒนาชุดตรวจดีเอ็นเอชุดซ้ำที่ช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการตรวจ โดยมีการเพิ่มตำแหน่งในการวิเคราะห์ ทางผู้วิจัยจึงสนใจศึกษาความถี่แอลลีลของประชากรกัมพูชาในประเทศไทยที่ตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอ จากข้อมูลที่ถูกบันทึกไว้ในฐานข้อมูลดีเอ็นเอ ศูนย์พิสูจน์หลักฐาน 1 สำนักงานพิสูจน์หลักฐาน เพื่อนำค่าทางสถิติที่ได้จากการวิเคราะห์ค่าความถี่แอลลีล ไปช่วยสร้างความเชื่อมั่นในการตรวจพิสูจน์ในงานทางด้านนิติวิทยาศาสตร์ และสามารถใช้เป็นค่าอ้างอิงในการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลที่มีความจำเพาะของกลุ่มประชากรต่อไป

สมมติฐานการวิจัย

รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของประชากรกัมพูชาที่อยู่ในประเทศไทยที่เก็บรวบรวมไว้สามารถใช้วิเคราะห์หาความถี่แอลลีลได้ และเป็นตัวแทนเพื่อใช้วิเคราะห์ลักษณะประชากรได้

กรอบแนวคิดการวิจัย



ภาพที่ 1 กรอบแนวคิด

วิธีดำเนินการวิจัย

การวิจัยในครั้งนี้จะทำการรวบรวมรูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของประชากรกัมพูชา ปี พ.ศ.2562 ที่ถูกเก็บอยู่ในฐานข้อมูลดีเอ็นเอของศูนย์พิสูจน์หลักฐาน 1 สำนักงานพิสูจน์หลักฐานตำรวจ ซึ่งเป็นผลการตรวจวิเคราะห์รูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอด้วยชุดตรวจดีเอ็นเอชุดขับเคลื่อนออโตโซม (autosomal STR) จำนวน 23 ตำแหน่ง ประกอบด้วย D3S1358, D1S1656, D2S441, D10S1248, D13S317, Penta E, D16S539, D18S51, D2S1338, CSF1P0, Penta D, TH01, vWA, D21S11, D7S820, D5S818, TPOX, D8S1179, D12S391, D19S433, SE33, D22S1045 และ FGA โดยมีเกณฑ์การคัดเข้า คือ ข้อมูลรูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอ มีเอกสารระบุชัดเจนถึงเชื้อชาติกัมพูชา มีเอกสารมีรายละเอียดในหนังสือนำเสนอครบถ้วน เช่น เพศ อายุ สถานที่เก็บตัวอย่าง มีเอกสารแสดงความยินยอมในการตรวจเก็บตัวอย่าง โดยตัวอย่างที่เก็บรวบรวมเป็นตัวอย่างที่ถูกตรวจด้วยชุดน้ำยา PowerPlex® Fusion 6C System (Promega, USA) เท่านั้น อีกทั้งแต่ละตัวอย่างต้องมีเอกสารอิเล็กโทรโฟโรแกรม (electropherogram) ที่ครบถ้วน และมีเกณฑ์การคัดออก คือ ข้อมูลรูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอที่ซ้ำกัน หรือรูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของบุคคลที่มีความสัมพันธ์กัน จากการรวบรวมรูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอของประชากรกัมพูชาในประเทศไทย จำนวน 150 ตัวอย่าง นั้น พบว่า เป็นขนาดกลุ่มตัวอย่างที่เพียงพอต่อการนำมาศึกษาค่าความถี่แอลลีล ตามคำแนะนำของ John Bulter (Butler, 2015) และสามารถนำตัวอย่างทั้งหมดมาวิเคราะห์ค่าความถี่แอลลีลและค่าสถิติทางนิติวิทยาศาสตร์ด้วยโปรแกรม STAFF (Gouy & Zieger, 2017) เพื่อคำนวณความถี่แอลลีลของประชากรและวิเคราะห์ค่าทางสถิติของประชากรกัมพูชาในประเทศไทยต่อไป

ผลการวิจัย

จากการรวบรวมรูปแบบลายพิมพ์ดีเอ็นเอชุดขับเคลื่อนออโตโซม (Autosomal STR) จำนวน 150 ตัวอย่าง ที่ตรวจด้วยชุดน้ำยา PowerPlex® Fusion 6C System (Promega, USA) ซึ่งเป็นการตรวจดีเอ็นเอชุดขับเคลื่อนออโตโซม จำนวน 23 ตำแหน่ง ได้แก่ D3S1358, D1S1656, D2S441, D10S1248, D13S317, Penta E, D16S539, D18S51, D2S1338, CSF1P0, Penta D, TH01, vWA, D21S11, D7S820, D5S818, TPOX, D8S1179, D12S391, D19S433, SE33, D22S1045 และ FGA จากนั้นใช้โปรแกรม STAF เพื่อคำนวณค่าความถี่แอลลีลและค่าทางสถิติของประชากรกัมพูชา ที่ทำการศึกษพบว่า รูปแบบของแอลลีลที่พบมีจำนวนทั้งสิ้น 249 แบบ ดังแสดงในตารางที่ 1

ตารางที่ 1 แสดงค่าความถี่แอลลีลของประชากรกัมพูชาในประเทศไทย จำนวน 150 ตัวอย่าง (N=150)

Allele	CSF1PO	D10S1248	D12S391	D13S317	D16S539	D18S51	D19S433	D1S1656	D21S11	D22S1045	D2S1338	D2S441	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	FGA	PentaD	PentaE	SE33	TH01	TPOX	VWA
5																							
6															0.0033				0.0400			0.1333	
7	0.0033													0.0133	0.0033			0.0467			0.2667		
8	0.0067	0.0033			0.3400	0.0167					0.0033			0.0033	0.1733	0.0067		0.0400	0.0100		0.0733	0.5933	
9	0.0167				0.0833	0.1633		0.0167			0.0033			0.0367	0.0833			0.3633	0.0100		0.3600	0.1167	
9.1											0.0033												
9.3																					0.1133		
10	0.1700				0.1067	0.1400	0.0033	0.0033			0.1667		0.2267	0.1933	0.1200			0.1867	0.0333		0.0533	0.0500	
11	0.3500	0.0133			0.2700	0.3467		0.0133	0.0500	0.1900		0.2833	0.2900	0.3367	0.1300			0.1233	0.3367			0.2333	
11.3												0.2367											
12	0.3733	0.0433			0.1533	0.2033	0.0733	0.0500	0.0167		0.1033		0.2033	0.1700	0.0800			0.0933	0.1567			0.0067	
12.2								0.0033															
12.3												0.0033											
13	0.0667	0.3133			0.0433	0.1100	0.1400	0.1367	0.0833	0.0267		0.0233	0.0033	0.1900	0.0333	0.2133		0.1167	0.0500	0.0033			
13.2								0.0667															
13.3									0.0033														
14	0.0133	0.2267			0.0033	0.0167	0.1267	0.3000	0.1533	0.0300		0.1733	0.0467	0.0300	0.0033	0.1500	0.0033	0.0233	0.1233	0.0033		0.2700	
14.2								0.0700															
15		0.2233	0.0167		0.0033	0.2800	0.0700	0.3467		0.3967			0.2833	0.0067		0.2033		0.0067	0.0433	0.0067		0.0333	
15.2							0.2200																
15.3								0.0033															
16		0.1533				0.1600	0.0233	0.2033		0.1567	0.0200		0.3567			0.0867		0.0400	0.0200			0.1000	
16.2							0.0300																
16.3								0.0033															
17		0.0233	0.0500			0.0667		0.0733		0.1933	0.1467		0.2333			0.0067		0.0267	0.0633			0.2800	
17.3								0.0400															
18			0.2433			0.0433		0.0067		0.0067	0.0633		0.0733			0.0033	0.0267	0.0533	0.0700			0.2000	
18.3								0.0067															
19			0.2067			0.0467				0.2267		0.0033					0.0900	0.0233	0.1000			0.0967	
19.2																			0.0033				
19.3								0.0067															
20			0.1467			0.0233				0.1067							0.0567	0.0200	0.0633			0.0167	
20.2																	0.0033		0.0200				
21			0.1100			0.0100				0.0367							0.1733	0.0200	0.0333			0.0033	
21.2																	0.0167		0.0167				
22			0.1100			0.0100				0.0600							0.1500	0.0067	0.0100				
22.2																	0.0100		0.0200				
23			0.0633							0.1767							0.1900	0.0067					
23.2																	0.0267		0.0167				
24			0.0233			0.0100				0.1267							0.1067						
24.2																	0.0033		0.0400				
25			0.0167			0.0067				0.0333							0.0967						
25.2																	0.0033		0.0567				
26			0.0067							0.0033							0.0333						
26.2																			0.0467				
27			0.0067														0.0100						
27.2																			0.0700				
28									0.0400														
28.2									0.0033										0.1100				
29									0.2867														
29.2									0.0067											0.0767			
30									0.1900											0.0033			
30.2									0.0533											0.0767			
31									0.0767														
31.2									0.0967											0.0433			
32									0.0467														
32.2									0.1533											0.0133			
33									0.0067														
33.2									0.0267											0.0100			
34.2									0.0133														
35.2																				0.0033			

จากตารางที่ 1 พบว่าตำแหน่งที่พบรูปแบบของแอลลีลมากที่สุดคือตำแหน่ง SE33 มีจำนวน 27 แบบตำแหน่ง TPOX พบรูปแบบของแอลลีลน้อยที่สุด จำนวน 5 แอลลีล นอกจากนี้ จากการศึกษาสัดส่วนแอลลีลที่พบมากที่สุดในแต่ละตำแหน่ง พบว่า ตำแหน่ง TPOX เป็นตำแหน่งที่พบสัดส่วนแอลลีล 8 มากที่สุด คิดเป็น 59.33% และตำแหน่ง SE33 พบว่า มีค่าความถี่แอลลีลสูงสุด คือ แอลลีล 28.2 โดยคิดเป็นสัดส่วนต่อตำแหน่งเพียง 11 %

จากการคำนวณค่าทางสถิติโดยใช้โปรแกรม STARF และแสดงผลการวิเคราะห์ที่ได้จากประชากรกัมพูชาในประเทศไทย เป็นค่าทางสถิติต่างๆ ดังนี้ ค่า Gene diversity (GD), ค่า Polymorphic Information Content (PIC), ค่า Power of Discrimination (PD), ค่า Probability of matching (PM), ค่า Observed heterozygosity (Hobs), ค่า Power of Exclusion (PE) และ ค่า Typical Paternity Index (TPI) ดังแสดงในตารางที่ 2

ในประชากรกัมพูชาในประเทศไทยพบว่ามีค่าทางสถิติสูงที่สุดคือตำแหน่ง SE33 ได้แก่ ค่า Gene diversity (GD), ค่า Polymorphic Information Content (PIC), ค่า Power of Discrimination (PD), ค่า Observed heterozygosity (Hobs) และค่า Power of Exclusion (PE) โดยมีค่าดังนี้ 0.9392, 0.9324, 0.9875, 0.9400 และ 0.8776 ตามลำดับ ซึ่งค่าดังกล่าวแสดงความหลากหลายสูงเมื่อมีค่าเข้าใกล้ 1 และในทางกลับกันพบว่า ค่า Probability of matching (PM) นั้นจะมีค่าต่ำที่สุดในตำแหน่งดังกล่าว และตำแหน่ง SE33 เป็นตำแหน่งที่มีค่า Typical Paternity Index (TPI) สูงที่สุด เท่ากับ 8.3333 นอกจากนี้ พบค่าทางสถิติต่ำที่สุดในตำแหน่ง TPOX ได้แก่ ค่า Gene diversity (GD), ค่า Polymorphic

Information Content (PIC), ค่า Power of Discrimination (PD), ค่า Observed heterozygosity (Hobs) และค่า Power of Exclusion (PE) โดยมีค่าเท่ากับ 0.5793, 0.5258, 0.7667, 0.5733, 0.2601 ตามลำดับ ซึ่งแสดงถึงความหลากหลายน้อยในตำแหน่งดังกล่าว และในทางกลับกันพบว่า ค่า Probability of matching (PM) นั้น จะมีค่ามากที่สุด ในตำแหน่งดังกล่าว และตำแหน่ง TPOX มีค่า Typical Paternity Index (TPI) ต่ำที่สุดเท่ากับ 1.1719 ตามตารางที่ 2

ตารางที่ 2 แสดงค่าทางสถิติที่วิเคราะห์ได้จากประชากรกัมพูชาในประเทศไทย จำนวน 150 ตัวอย่าง

ตำแหน่ง	GD	PIC	PM	PD	Hobs	PE	TPI
CSF1P0	0.7066	0.6521	0.1432	0.8568	0.6733	0.3882	1.5306
D10S1248	0.7770	0.7389	0.0852	0.9148	0.7467	0.5041	1.9737
D12S391	0.8475	0.8266	0.0463	0.9537	0.8667	0.7280	3.7500
D13S317	0.7703	0.7333	0.0921	0.9079	0.7800	0.5625	2.2727
D16S539	0.7821	0.7483	0.0887	0.9113	0.8067	0.6115	2.5862
D18S51	0.8484	0.8292	0.0462	0.9538	0.8800	0.7548	4.1667
D19S433	0.8270	0.8043	0.0554	0.9446	0.8533	0.7014	3.4091
D1S1656	0.8008	0.7741	0.0685	0.9315	0.7933	0.5867	2.4194
D21S11	0.8382	0.8170	0.0500	0.9500	0.8333	0.6623	3.0000
D22S1045	0.7455	0.7050	0.1045	0.8955	0.7600	0.5270	2.0833
D2S1338	0.8609	0.8423	0.0399	0.9601	0.8067	0.6115	2.5862
D2S441	0.7973	0.7638	0.0828	0.9172	0.8267	0.6494	2.8846
D3S1358	0.7329	0.6835	0.1250	0.8750	0.7533	0.5155	2.0270
D5S818	0.7872	0.7509	0.0792	0.9208	0.7533	0.5155	2.0270
D7S820	0.7849	0.7509	0.0844	0.9156	0.7667	0.5387	2.1429
D8S1179	0.8482	0.8263	0.0474	0.9526	0.8333	0.6623	3.0000
FGA	0.8792	0.8640	0.0325	0.9675	0.8800	0.7548	4.1667
PentaD	0.7939	0.7668	0.0745	0.9255	0.7800	0.5625	2.2727
PentaE	0.8358	0.8188	0.0489	0.9511	0.8400	0.6753	3.1250
SE33	0.9392	0.9324	0.0125	0.9875	0.9400	0.8776	8.3333
TH01	0.7630	0.7254	0.0985	0.9015	0.7733	0.5505	2.2059
TPOX	0.5793	0.5258	0.2333	0.7667	0.5733	0.2601	1.1719
vWA	0.7906	0.7562	0.0807	0.9193	0.7667	0.5387	2.1429

สรุปและอภิปรายผลการวิจัย

จากการศึกษาพบว่าค่าความถี่ของแอลลีลของประชากรกัมพูชาในประเทศไทย จำนวน 23 ตำแหน่ง สามารถเป็นตัวแทนประชากรในการคำนวณค่าทางสถิติที่เกี่ยวข้องกับงานทางด้านนิติวิทยาศาสตร์ โดย John Butler แนะนำว่าตัวอย่างจำนวนที่เหมาะสมต่อการคำนวณค่าความถี่แอลลีลไม่ควรต่ำกว่า 100 ตัวอย่าง (Butler, 2015) และตำแหน่ง SE33 ที่มีค่า Expected heterozygosity (Hexp) หรือค่า Gene Diversity (GD) เท่ากับ 0.9392, ค่า Power of Discrimination (PD) เท่ากับ 0.9875 ซึ่งแสดงให้เห็นว่า ตำแหน่ง SE33 เป็นตำแหน่งที่มีความหลากหลายสูงในกลุ่มประชากรกัมพูชาในประเทศไทย อีกทั้งพบว่า ค่า Power of Exclusion (PE) มีค่าสูงสุดเท่ากับ 0.8776 ซึ่งแสดงให้เห็นว่า ตำแหน่ง SE33 เป็นตำแหน่งที่เหมาะสมที่สุดที่จะนำมาใช้ในกาตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลและตรวจพิสูจน์

ความสัมพันธ์ทางเครือญาติอีกด้วย เนื่องจากตำแหน่ง SE33 นั้นมีความหลากหลายในแต่ละกลุ่มประชากร และเป็นที่ยอมรับในงานทางด้านนิติวิทยาศาสตร์ (Bhinder et al., 2018; Gaviria et al., 2015) หากพูดถึงความหลากหลายของประชากร จากงานวิจัยก่อนหน้านี้พบว่า ตำแหน่ง SE33 มักจะนำไปใช้ในกลุ่มประชากรยุโรป เพราะเป็น locus ที่มีความหลากหลายสูง แต่ในกลุ่มเอเชียก็มีความหลากหลายสูงเช่นเดียวกัน แต่มีแอลลีลที่พบบ่อยแตกต่างกัน (Gettings et al., 2015) และตำแหน่ง TPOX มีความเหมาะสมน้อยที่สุดเนื่องจากมีค่า Expected heterozygosity (Hexp) หรือค่า Gene Diversity (GD), ค่า Power of Discrimination (PD) และค่า Power of Exclusion (PE) อยู่ในระดับต่ำที่สุด เมื่อศึกษาความแปรผันของ STR ด้วยการเรียงตัวของเบสที่เป็น tetranucleotide ส่งผลให้มีการแปรผันในตำแหน่งนี้ที่ค่อนข้างต่ำ (Gettings et al., 2015) ซึ่งเป็นไปตามค่าสถิติที่แสดง

ข้อเสนอแนะที่ได้รับจากการวิจัย

การศึกษาค่าความถี่แอลลีลของประชากรกัมพูชาในประเทศไทยในครั้งนี้ เนื่องจากข้อมูลภูมิสำเนาของตัวอย่างที่นำมาศึกษานั้น ยังไม่สามารถรวบรวมประชากรกัมพูชาที่มีภูมิสำเนาครอบคลุมในทุกภูมิภาคของประเทศกัมพูชา ซึ่งหากสามารถเก็บรวบรวมได้ครอบคลุมจะเป็นประโยชน์ต่อการวิเคราะห์ผลและเปรียบเทียบมากยิ่งขึ้น อีกทั้งค่าความถี่แอลลีลนั้น อาจแตกต่างกันได้ในประชากรเดียวกันในถิ่นอาศัยที่แตกต่างกัน ดังนั้นควรจัดเก็บตัวอย่างให้มีจำนวนมากขึ้น และทราบภูมิสำเนาเพื่อให้มีความหลากหลาย และครอบคลุมทุกพื้นที่ในภูมิสำเนาของประเทศกัมพูชา โดยอาจมีการจัดเก็บข้อมูลประวัติครอบครัวเพิ่มเติม และนอกจากนั้นอาจทำการวิเคราะห์และเปรียบเทียบความใกล้ชิดและความแตกต่างของแอลลีลในประชากรกัมพูชาที่อาศัยอยู่ในประเทศอื่นต่อไป

ข้อเสนอแนะในการวิจัยครั้งต่อไป

การศึกษาค่าความถี่แอลลีลของประชากรกัมพูชาในประเทศไทยในครั้งต่อไป ผู้วิจัยมีข้อเสนอแนะดังต่อไปนี้

- 1) ควรศึกษาและวิเคราะห์ผลในรูปแบบเชิงการเปรียบเทียบ โดยนำประชากรที่สนใจมาเปรียบเทียบกับกลุ่มประชากรต่างๆ เพื่อศึกษาความแตกต่างของประชากรได้
- 2) ควรมีการเพิ่มจำนวนตัวอย่างให้เพิ่มขึ้น เพื่อศึกษาการกระจายตัวของแอลลีลที่มีความหลากหลาย ซึ่งเป็นข้อมูลที่เป็นประโยชน์อย่างมากต่องานทางด้านพันธุศาสตร์ประชากร

เอกสารอ้างอิง

- Almeida, C., Ribeiro, T., Oliveira, A. R., Porto, M. J., Costa Santos, J., Dias, D., & Dario, P. (2015). Population data of the GlobalFiler® Express loci in South Portuguese population. *Forensic Science International: Genetics*, 19, 39-41.
- Bhinder, M. A., Zahoor, M. Y., Sadia, H., Qasim, M., Perveen, R., Anjum, G. M., Iqbal, M., Ullah, N., Shehzad, W., Tariq, M., & Waryah, A. M. (2018). SE33 locus as a reliable genetic marker for forensic DNA analysis systems. *Turkish Journal of Medical Sciences*, 48(3), 611-614.
- Butler, J. M. (2005). *Forensic DNA Typing: Biology, Technology, and Genetics of STR Markers* (Vol. 660). Elsevier Academic Press.
- Butler, J. M. (2015). *Advanced Topics in Forensic DNA Typing: Interpretation*. Academic Press.
- Gaviria, A., Vela, M., Morejon, G., Galarza, J., Castillo, G., Pastás, V., Burgos, G., Paz-y-Miño, C., & Zambrano, A. K. (2015). Analysis of the most efficient autosomal strs and genetic data for the locus se33 in ecuadorian population. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 5, e93-e95.
- Gettings, K. B., Aponte, R. A., Vallone, P. M., & Butler, J. M. (2015). STR allele sequence variation: Current knowledge and future issues. *Forensic Science International: Genetics*, 18, 118-130.

- Gouy, A., & Zieger, M. (2017). STRAF-A convenient online tool for STR data evaluation in forensic genetics. *Forensic Science International: Genetics*, 30, 148-151.
- Haidar, M., Abbas, F. A., Alsaleh, H., & Haddrill, P. R. (2021). Population genetics and forensic utility of 23 autosomal PowerPlex Fusion 6C STR loci in the Kuwaiti population. *Scientific Reports*, 11(1), 1865.
- Kampuansai, J., Völgyi, A., Kutanan, W., Kangwanpong, D., & Pamjav, H. (2017). Autosomal STR variations reveal genetic heterogeneity in the Mon-Khmer speaking group of Northern Thailand. *Forensic Science International: Genetics*, 27, 92-99.
- Kraaijenbrink, T., van Driem, G. L., Tshering of Gaselô, K., & de Knijff, P. (2007). Allele frequency distribution for 21 autosomal STR loci in Bhutan. *Forensic Science International*, 170(1), 68-72.
- Romgaew, T., & Aobaom, S. (2022). Allele frequencies of 15 autosomal STR loci among 540 Myanmarese individuals in Thailand. *Forensic Science International: Reports*, 6, 100282.
- Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (SWGDM). (2010). *SWGDM Interpretation Guidelines for Autosomal STR Typing by Forensic DNA Testing Laboratories*. Retrieved from <https://www.swgdam.org/publications>.
- Soares-Vieira, J. A., Muñoz, D. R., Iwamura, E. S., Billerbeck, A. E. C., & Otto, P. A. (2001). Allele frequency distribution of three STR loci (CSF1PO, TPOX, and TH01) in a Brazilian population sample. *Journal of Forensic Sciences*, 46(4), 996-997.
- United Nations (2022). *World Population Prospects 2022*. Retrieved from <https://population.un.org/wpp/Download/Standard/Population/>.
- พิมพ์ เชี่ยวศิลป์. (2564). ความสำคัญของ Genotype frequency. วารสารโลहितวิทยาและเวชศาสตร์บริการโลหิต. สืบค้นจาก http://tsh.or.th/file_upload/files/02_ความสำคัญ_บทความวิชาการ_31-1.pdf.
- สำนักบริหารแรงงานต่างด้าว. (2565). สถิติการทำงานของคนต่างด้าวประจำเดือน พฤศจิกายน พ.ศ.2565. สืบค้นจาก https://www.doe.go.th/prd/assets/upload/files/alien_th/e928dea4df732f2958d95034861cc4ec.pdf.

Data Availability Statement: The raw data supporting the conclusions of this article will be made available by the authors, without undue reservation.

Conflicts of Interest: The authors declare that the research was conducted in the absence of any commercial or financial relationships that could be construed as a potential conflict of interest.

Publisher's Note: All claims expressed in this article are solely those of the authors and do not necessarily represent those of their affiliated organizations, or those of the publisher, the editors and the reviewers. Any product that may be evaluated in this article, or claim that may be made by its manufacturer, is not guaranteed or endorsed by the publisher.



Copyright: © 2024 by the authors. This is a fully open-access article distributed under the terms of the Attribution-NonCommercial-NoDerivatives 4.0 International (CC BY-NC-ND 4.0).