

**SỰ ĐA DẠNG DI TRUYỀN CỦA 15 LOCUS STR TRÊN NHIỄM SẮC THỂ THƯỜNG
TRONG QUẦN THỂ NGƯỜI KHMER SỐNG Ở TỈNH SÓC TRĂNG, VIỆT NAM**

Đến tòa soạn 11 – 6 – 2015

Trần Trọng Hội, Trần Thị Hạnh

Viện Kỹ thuật Hóa-Sinh và Tài liệu nghiệp vụ - Tổng cục Hậu cần - Kỹ thuật – Bộ Công an

Phạm Đăng Khoa, Hồ Quang Huy

Đại học Y Hà Nội

Trịnh Đình Đạt

Khoa Sinh học - ĐH Khoa học Tự nhiên - ĐH Quốc gia Hà Nội

Nguyễn Văn Hà

Viện Khoa học hình sự - Tổng cục Cảnh sát - Bộ Công an

SUMMARY

**GENETIC POLYMORPHISMS OF 15 AUTOSOMAL STRs LOCI
IN KHMER POPULATION LIVING IN SOC TRANG PROVINCE
OF VIETNAM**

The genetic polymorphisms of 15 autosomal short tandem repeat (STR) loci were analyzed from 110 unrelated healthy individuals of Khmer population living in Soc Trang Province of Vietnam using a multiplex PCR system which had been published in our recent research results. Separation of PCR products was carried out on the 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) together with Internal Lane Standard 600 (Promega, DG1071). Data were analyzed by GeneMapper® ID software v 3.2.1 (Applied Biosystems, Foster City, CA), according to the manufacturer's instructions. Allele frequencies and statistical parameters for 15 studied loci (D3S1358, TH01, D21S11, D18S11, PentaE, D5S818, D13S313, D7S820, D16S359, CSF1PO, PentaD, vWA, D8S1179, TPOX and FGA) were calculated by EasyDNA_PopuData software which is developed by Wing K. Fung, Yue-Qing Hu and Hong Lee, The University of Hong Kong. The observed heterozygosity (OH) values of these 15 STR loci ranged from 0.600 (TPOX) to 0.864 (D18S11). The expected heterozygosity (EH) ranged from 0.611 (TPOX) to 0.873 (FGA). The power of discrimination (PD) values were found ranging from 0.801 (TPOX) to 0.972 (FGA) and the probability of excluding (PE) a random man from paternity varies between 0.325 (TPOX) and 0.749 (Penta E). The p-value of the exact test under Hardy-Weinberg equilibrium of the locus (P1) was

determined to range from 0.115 (D21S11) to 0.985 (D18S51). The agreement with Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) was confirmed for 15 studied loci (based on the χ^2 -test only). For the 15 this studied loci, the combined power of discrimination (CPD) and the combined power of exclusion (CPE) are 0,99999999999999995 and 0.9999991, respectively, proving suitable for the forensic and paternity testing requirements of the Khmer population living in Soc Trang Province of Vietnam.

Keywords: STR; Khmer population data; Genetic polymorphisms.

1. MỞ ĐẦU

Vào cuối những năm 90 và đầu những năm 2000, việc nghiên cứu sự đa dạng di truyền của các locus STR trong các quần thể người thuộc Châu Mỹ, Châu Âu và Châu Á đã được thực hiện và công bố trên các tạp chí khoa học chuyên ngành. Hiện nay, có khoảng hơn 365 quần thể người khắp nơi trên thế giới đã được nghiên cứu, công bố về dữ liệu tần suất alen của các locus STR và đang được sử dụng phổ biến trong các phòng thí nghiệm phân tích AND nhận dạng cá thể người [12].

Tại Việt Nam, việc nghiên cứu khảo sát tần suất alen của các locus STR được bắt đầu nghiên cứu từ đầu những năm 2000 với những công bố dữ liệu tần suất alen ban đầu của các locus STR đơn lẻ (1 locus, 2 locus và 3 locus). Đến nay, mới chỉ có công trình nghiên cứu được công bố năm 2002 về dữ liệu tần suất alen của 16 locus STR trên 178 người Việt Nam sống tại khu vực Hà Nội của tác giả Shimada người Nhật [10]. Đây có thể được coi là nguồn dữ liệu tần suất alen của 16 locus STR trên quần thể người Việt Nam được công bố đầy đủ nhất và đang được sử dụng làm nguồn dữ liệu tham khảo về các chỉ số nhận dạng cá thể người, chỉ số quan hệ huyết thống và các nghiên cứu về sự đa dạng di truyền trong quần thể người Việt Nam. Ngoài ra, cũng có một số tác giả khác đã công bố về

dữ liệu tần suất alen của các locus STR trong quần thể người Việt Nam, như nhóm tác giả Phạm Hùng Vân công bố năm 2011 về dữ liệu tần suất alen của 12 locus STR trên 180 người Việt Nam (đối tượng được lấy mẫu là các sinh viên của trường Đại học Y Dược Tp.HCM) [2]. Nhóm tác giả thuộc Trung tâm giám định sinh học pháp lý – Viện Khoa học Hình sự -Bộ Công an cũng đã có các nghiên cứu về tần suất các alen cho 15 locus STR hệ Identifiler ở quần thể người Việt (Kinh) và người H'Mong thuộc các đề tài cấp Bộ phục vụ cho công tác giám định AND tại Viện.

Tuy nhiên, đối với Việt Nam – quốc gia có số lượng dân tộc lớn (54 dân tộc) thì những số liệu nghiên cứu được nêu trên vẫn còn là quá ít. Để xác định tính đặc trưng và tập hợp một dữ liệu đầy đủ về sự phân bố tần suất alen của các locus STR trong quần thể người Việt Nam phục vụ cho công tác pháp y nhận dạng cá thể, xác định huyết thống, nghiên cứu sự đa dạng di truyền trong quần thể người Việt Nam và các nhu cầu dân sinh khác thì cần thiết phải có các nghiên cứu bổ sung trên các đối tượng là người dân tộc khác nhau.

Vì vậy, chúng tôi tiến hành nghiên cứu: “*Sự đa dạng di truyền của 15 locus STR trên nhiễm sắc thể thường trong quần thể người Khmer sống ở tỉnh Sóc Trăng, Việt Nam*”. Mục tiêu của nghiên cứu này là: Xây dựng

được bằng tần suất alen và các chỉ số thông kê cho 15 locus STR trên NST thường của 110 cá thể người Khmer khỏe mạnh, không có quan hệ huyết thống và sống tại tỉnh Sóc Trăng, Việt Nam.

2. NGUYÊN LIỆU VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Nguyên liệu

2.2.1. Nguồn mẫu khảo sát

Nguồn mẫu được sử dụng trong nghiên cứu này là mẫu máu toàn phần, được lấy từ tĩnh mạch của 110 cá thể người Khmer (gồm 60 nam và 50 nữ), khỏe mạnh, không có quan hệ huyết thống và sống tại tỉnh Sóc Trăng. Tất cả những người được lấy mẫu đều phải trải qua một cuộc phỏng vấn để đảm bảo về nguồn gốc dân tộc của mình và cung cấp thông tin cá nhân theo mẫu phiếu quy định. Các mẫu máu được chống đông bằng EDTA, đựng trong ống lấy máu chuyên dụng và được bảo quản ở -20°C.

2.2.2. Hóa chất và vật tư tiêu hao dùng cho tách chiết AND: Sử dụng của hãng Sigma, Promega, Invitrogen và Corning.

2.2.3. Hóa chất và vật tư tiêu hao dùng cho phản ứng PCR:

- Hỗn hợp mồi (HQ 16 Primer Mix) có thành phần nồng độ mỗi mồi như sau: 12µM FGA; 5µM TPOX; 7µM D8S1179; 6,5µM vWA; 2µM Amelogenin; 12µM Penta E; 12µM D18S51; 4µM D21S11; 5µM TH01; 2,5µM D3S1358; 10µM Penta D; 3,5µM CSF1PO; 5µM D16S539; 5µM D7S820; 3µM D13S317 và 2,5µM D5S818. Bảo quản ở -20°C [1].

- Hóa chất dùng cho PCR (sử dụng của hãng Promega-Mỹ): 100mM dNTP set (Cat. No.: U1420); GoTaq® Hot Start polymerase (Cat. No.: M5005) có kèm theo

5X Colorless GoTaq® Flexi Buffer và 25mM MgCl₂.

- Mẫu AND chuẩn 2800M (10ng/µl) của hãng Promega (Cat. No.: DD7251)

1.4. Hóa chất và vật tư tiêu hao dùng cho máy điện di mao quản 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Mỹ),

- Sử dụng hóa chất của hãng Applied Biosystems (Foster City, CA, USA): 10X Running Buffer with EDTA (Cat. No.: 4486293, AB), POP-4™ Polymer (Cat. No.: 4352755, AB), Hi-Di Formamide (Cat. No.: 4311320, AB), mao quản 3130/3100-Avant Genetic Analyzer 4-Capillary Array, 36 cm (Cat. No.: 4333464, AB), Internal Lane Standard 600 (Promega, DG1071) và các vật tư tiêu hao cần thiết.

- Nước deion được lấy từ hệ thống lọc nước Milli-Q-Integral 3 (Millipore –Mỹ) của phòng thí nghiệm.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- *Phương pháp thu mẫu*: 2ml máu được lấy từ tĩnh mạch của mỗi cá thể nghiên cứu (110 cá thể) cho riêng vào từng ống đựng máu chuyên dụng tương ứng có sẵn EDTA để chống đông, lắc nhẹ nhàng và bảo quản ở -20°C.

- *Phương pháp tách chiết ADN*: ADN tổng số được tách chiết từ 110 mẫu máu theo phương pháp “salting out” của tác giả S.A.Miller [6].

- *Phương pháp định lượng ADN*: Lấy 1µl ADN tổng số thu được sau tách chiết đem định lượng trên máy NanoDrop 2000C (Thermo Scientific, Mỹ).

- *Phương pháp PCR* [1, 5, 7, 8, 9]: 16 locus (D3S1358, TH01, D21S11, D18S11, PentaE, D5S818, D13S313, D7S820, D16S359, CSF1PO, PentaD, vWA, D8S1179, TPOX, FGA và Amelogenin)

của mỗi cá thể nghiên cứu, được nhân bội thời trong 20µl phản ứng PCR có thành phần như đã được tối ưu trong nghiên cứu là: 250µM dNTP; 1,2X Colorless GoTaq® Flexi Buffer; 1,75mM MgCl₂; 3units GoTaq® Hot Start polymerase; 2µl HQ 16 Primer Mix và 1-2ng ADN khuôn [1]. Phản ứng được thực hiện trên máy GeneAmp®PCR System 9700 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) với chu trình nhiệt là: 96 °C – 2 phút; (94 °C – 1 phút; 60 °C – 1 phút; 72 °C – 1 phút) x 30 chu kỳ; 60 °C – 30 phút và giữ ở 15 °C. Trong quá trình PCR đều có mẫu chứng dương (2800M) và mẫu chứng âm chạy kèm.

- *Kỹ thuật điện di phân tách sản phẩm PCR trên máy 3130 Genetic Analyzer* [8]: Mẫu điện di được chuẩn bị trên khay trộn mẫu 96 giếng (MicroAmp™ Optical 96-Well Reaction Plate, Cat.no.: N8010560, Applied Biosystems) như sau: Lấy 1,0µl sản phẩm PCR (hoặc thang alen) và 0,5 µl ILS 600 trộn với 10µl Hi-Di Formamide. Biến tính bằng máy GeneAmp®PCR System 9700 ở 95°C trong 3 phút và giữ ở 4°C trong 5 phút. Cho mẫu đã biến tính vào khay đựng mẫu chạy của máy 3130 Genetic Analyzer, khai báo thông tin mẫu, chọn điều kiện chạy trong phần mềm Run 3130 Data Collection software v3.0 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA), các bước được thực hiện theo hướng dẫn sử dụng của nhà sản xuất. Kết quả điện di được phân tích dữ liệu bằng phần mềm GeneMapper® software v.3.2.1 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA), cho phép xác định được kiểu gen 16 locus (D3S1358, TH01, D21S11, D18S11, PentaE, D5S818, D13S313, D7S820,

D16S359, CSF1PO, PentaD, vWA, D8S1179, TPOX, FGA và Amelogenin) còn được gọi là hồ sơ ADN (DNA profile) của mỗi cá thể được khảo sát.

- Phân tích thống kê [4, 11]: Dữ liệu kiểu gen 16 locus của 110 mẫu khảo sát được nhập vào phần mềm Excel để quản lý và xử lý dữ liệu. Sau đó, sử dụng phần mềm EasyDNA_PopuData của tác giả Wing Kam Fung và Yue-Qing Hu (Đại học Hồng Kông) để tính tần suất alen và các chỉ số thống kê cho 15 locus STR nghiên cứu.

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Sử dụng nguyên liệu và phương pháp nghiên cứu ở trên, chúng tôi đã xây dựng được bảng dữ liệu tần suất phân bố alen và các chỉ số thống kê cho 15 locus STR trên NST thường trong quần thể người Khmer sống tại tỉnh Sóc Trăng với số mẫu nghiên cứu là 110 cá thể (60 nam và 50 nữ), được thể hiện ở Bảng 1.

Tác giả Chakraborty, R. (1992) cho rằng thông thường việc khảo sát với số lượng mẫu trên 100 cá thể của mỗi quần thể nghiên cứu cho phép chúng ta thu được các chỉ số thống kê đáng tin cậy cho các tính toán về quan hệ nhân thân ở quần thể đó [3]. Do đó, kết quả nghiên cứu của chúng tôi khảo sát trên số lượng mẫu là 110 cá thể người Khmer khỏe mạnh, không cùng quan hệ huyết thống và được lựa chọn một cách ngẫu nhiên từ quần thể người Khmer sống tại tỉnh Sóc Trăng của Việt Nam là phù hợp và đáng tin cậy. Các giá trị tần suất alen và các chỉ số thống kê cho 15 locus thu được từ nghiên cứu này sẽ là nguồn dữ liệu tham khảo đáng tin cậy cho các tính toán chỉ số nhận dạng cá thể người và chỉ số quan hệ huyết thống ở quần thể người Khmer sống tại tỉnh Sóc Trăng, Việt Nam.

Bảng 1. Tần suất alen và các chỉ số thống kê của 15 locus STR trên NST thường trong quần thể người Khmer sống ở tỉnh Sóc Trăng, Việt Nam
(N=110)

Allele	D3S1258	TH01	D21S11	D18S51	Penta_E	D5S818	D13S317	D7S820	D16S539	CSF1P0	Penta_D	vWA	D8S1179	TPOX	FGA
5	---	---	---	---	0,027	---	---	---	---	---	---	---	---	0,005	---
6	---	0,105	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
7	---	0,286	---	---	0,018	0,023	---	0,005	---	0,005	0,018	---	---	---	---
8	---	0,055	---	---	---	0,005	0,382	0,141	0,014	---	0,082	---	---	0,564	---
9	---	0,359	---	---	0,009	0,036	0,077	0,05	0,186	0,014	0,332	---	---	0,114	---
9.1	---	---	---	---	---	---	---	0,005	---	---	---	---	---	---	---
9.3	---	0,109	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
10	---	0,086	---	---	0,032	0,286	0,118	0,218	0,132	0,282	0,132	---	0,095	0,068	---
10.1	---	---	---	---	---	---	---	0,005	---	---	---	---	---	---	---
11	---	---	---	0,005	0,264	0,218	0,241	0,382	0,232	0,282	0,132	---	0,145	0,232	---
12	0,005	---	---	0,041	0,118	0,195	0,141	0,164	0,245	0,327	0,127	---	0,136	0,018	---
13	0,009	---	---	0,123	0,091	0,227	0,041	0,027	0,145	0,082	0,114	---	0,241	---	---
14	0,023	---	---	0,132	0,141	0,005	---	---	0,041	0,005	0,041	0,232	0,177	---	---
15	0,277	---	---	0,259	0,082	0,005	---	0,005	0,005	0,005	0,018	0,023	0,118	---	---
16	0,386	---	---	0,227	0,041	---	---	---	---	---	0,005	0,145	0,077	---	---
17	0,232	---	---	0,091	0,059	---	---	---	---	---	---	0,3	0,005	---	---
18	0,068	---	---	0,036	0,045	---	---	---	---	---	---	0,205	0,005	---	0,009
19	---	---	---	0,027	0,018	---	---	---	---	---	---	0,077	---	---	0,064

Allele	D3S1258	TH01	D21S11	D18S51	Penta_E	D5S818	D13S317	D7S820	D16S539	CSF1P0	Penta_D	vWA	D8S1179	TPOX	FGA
20	---	---	---	0,018	0,018	---	---	---	---	---	---	0,014	---	---	0,055
20.2	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0,005
21	---	---	---	0,018	0,005	---	---	---	---	---	---	0,005	---	---	0,15
21.2	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0,009
22	---	---	---	0,009	0,018	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0,2
22.2	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0,023
23	---	---	---	0,005	0,009	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0,168
23.2	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0,009
24	---	---	---	0,009	0,005	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0,118
24.2	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0,009
25	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0,1
26	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0,064
27	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0,018
28	---	---	0,064	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
29	---	---	0,214	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
30	---	---	0,277	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
30.2	---	---	0,045	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
31	---	---	0,114	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
31.2	---	---	0,059	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
32	---	---	0,023	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
32.2	---	---	0,127	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

Allele	D3S1258	TH01	D21S11	D18S51	Penta_E	D5S818	D13S317	D7S820	D16S539	CSF1P0	Penta_D	vWA	D8S1179	TPOX	FGA
33	---	---	0,009	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
33.2	---	---	0,068	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
OH	0,782	0,764	0,845	0,864	0,855	0,791	0,736	0,736	0,745	0,773	0,827	0,855	0,827	0,600	0,827
EH	0,715	0,756	0,834	0,836	0,871	0,779	0,755	0,757	0,811	0,727	0,817	0,787	0,842	0,611	0,873
EH_SE	0,043	0,041	0,036	0,035	0,032	0,040	0,041	0,041	0,037	0,042	0,037	0,039	0,035	0,046	0,032
PD	0,868	0,904	0,953	0,954	0,972	0,915	0,905	0,906	0,937	0,875	0,946	0,922	0,955	0,801	0,971
PE	0,461	0,535	0,676	0,680	0,748	0,570	0,535	0,538	0,630	0,478	0,647	0,586	0,689	0,325	0,749
CHI	5,180	1,460	2,000	0,850	0,120	2,130	0,720	6,690	8,620	3,230	1,440	4,470	5,080	0,100	6,480
CHI(c)	7,810	3,840	3,840	3,840	3,840	12,590	7,810	12,59	12,590	7,810	12,590	12,59	12,59	3,840	7,810
P1	0,140	0,837	0,115	0,985	0,124	0,811	0,791	0,524	0,212	0,412	0,504	0,665	0,420	0,620	0,279

OH: Tần suất kiểu gen dị hợp tử theo thực nghiệm

EH: Tần suất kiểu gen dị hợp tử theo lý thuyết

EH_SE: Sai số chuẩn của tần số dị hợp tử theo lý thuyết

PD: Khả năng phân biệt cá thể

PE: Khả năng loại trừ một người đàn ông ngẫu nhiên từ quan hệ cha con.

CHI: Giá trị kiểm định χ^2 ở các trạng thái cân bằng theo định luật Hardy - Weinberg của locus.

CHI (c): Giá trị tới hạn 5 % của việc kiểm định χ^2

P1 : Giá trị xác suất của việc kiểm tra sự phù hợp với định luật Hardy-Weinberg ở trạng thái cân bằng của locus.

Hơn nữa, trong nghiên cứu này chúng tôi còn ứng dụng phần mềm EasyDNA_PopuData để tính toán tần suất alen và các chỉ số thống kê cho 15 locus STR nghiên cứu. Kết quả nghiên cứu thu được ở Bảng 1 cho thấy: Kiểu gen dị hợp tử theo thực nghiệm (OH) có tần suất dao động từ 0,600 (TPOX) đến 0,864 (D18S51), trong khi đó, kiểu gen dị hợp tử theo lý thuyết (EH) có tần suất dao động từ 0,611 (TPOX) đến 0,873 (FGA). Khả năng phân biệt cá thể (PD) của mỗi locus được xác định trong khoảng từ 0,801 (TPOX) đến 0,972 (Penta E), còn khả năng loại trừ một người đàn ông ngẫu nhiên từ quan hệ cha con (PE) của mỗi locus dao động từ 0,325 (TPOX) và 0,749 (FGA). Các giá trị xác suất của việc kiểm tra sự phù hợp theo định luật Hardy - Weinberg ở trạng thái cân bằng của các locus (P1) cũng đã được xác định trong khoảng từ 0,115 (D21S11) đến 0,985 (D18S51). Với kết quả này, nếu sử dụng đồng thời 15 locus STR này trong pháp y nhận dạng cá thể người và xác định quan hệ huyết thống cha con thì khả năng phân biệt kết hợp (CPD) và khả năng loại trừ kết hợp (CPE) có thể đạt tới giá trị tương ứng là 0,99999999999999995 và 0,9999991. Điều này có nghĩa là, nếu sử dụng đồng thời 15 locus STR này trong pháp y nhận dạng cá thể người và xác định quan hệ huyết thống cha con thì khả năng nhận dạng cá thể chính xác tới hơn 99,999999999999995% và khả năng loại trừ một người đàn ông ngẫu nhiên trong quần thể nghiên cứu có quan hệ huyết thống cha con với người con trong xét nghiệm là 99,99991%. Đây còn được coi là độ tin cậy của phương pháp nhận dạng cá

thể người và xét nghiệm huyết thống tương ứng. Chính vì vậy, phương pháp phân tích ADN sử dụng các locus STR đang được sử dụng phổ biến trong pháp y nhận dạng cá thể người và trong xét nghiệm huyết thống hiện nay được coi là phương pháp cho kết quả chính xác nhất về nhận dạng cá thể người và xác định huyết thống.

Ngoài ra, phần mềm còn có thêm chức năng sử dụng phương pháp kiểm tra χ^2 để kiểm tra mức độ phù hợp giữa tần suất kiểu gen dị hợp tử thu được từ thí nghiệm so với tần suất kiểu gen dị hợp tử theo lý thuyết định luật Hardy-Weinberg ở trạng thái cân bằng của quần thể nghiên cứu. Với chức năng này của phần mềm cho thấy, tần suất phân bố kiểu gen dị hợp tử của 15 locus STR thu được từ thực nghiệm hoàn toàn phù hợp với tần suất kiểu gen dị hợp tử theo lý thuyết định luật Hardy-Weinberg ở trạng thái cân bằng theo tiêu chuẩn χ^2 với độ tin cậy 95%. Điều này được thể hiện ở các giá trị CHI tính toán từ thực nghiệm của 15 locus STR này đều nhỏ hơn các giá trị CHI(c) tương ứng (Bảng 1).

4. KẾT LUẬN

Đã xây dựng được bảng tần suất alen bao gồm các giá trị tần suất alen và các chỉ số thống kê cho 15 locus STR trên NST thường (D3S1358, TH01, D21S11, D18S11, PentaE, D5S818, D13S313, D7S820, D16S359, CSF1PO, PentaD, vWA, D8S1179, TPOX và FGA) của 110 cá thể người Khmer khỏe mạnh, không cùng quan hệ huyết và sống tại tỉnh Sóc Trăng của Việt Nam.

Kết quả nghiên cứu của chúng tôi đáp ứng được các mục đích mong muốn. Các giá trị

tần suất alen và các chỉ số thống kê thu được cho thấy rằng 15 locus STR nghiên cứu có độ đa hình cao, có thể sử dụng tốt trong pháp y nhận dạng cá thể và xác định huyết thống. Ngoài ra, kết quả nghiên cứu cũng cung cấp thêm cơ sở dữ liệu về đặc tính di truyền đặc trưng cho quần thể người Khmer sống tại tỉnh Sóc Trăng, Việt Nam. Điều này cũng gợi mở hướng nghiên cứu mới về sự đa dạng di truyền trong các nhóm quần thể người dân tộc khác nhau của Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Trần Trọng Hội, Lê Thị Bích Trâm, Nguyễn Văn Hà, Trịnh Đình Đạt (2013). Nghiên cứu tối ưu thành phần multiplex PCR cho 16 cặp mồi gắn huỳnh quang trên hệ thống điện di mao quản. Tạp chí *Phân tích Hóa-Lý và Sinh học*. T-18 - Số 3/2013. Trang 29-34.
2. Trần Khánh Linh, Lê Thúy Quyên, Võ Đức Xuyên An, Phạm Hùng Vân (2011). Bước đầu khảo sát tần suất phân bố kiểu hình của các STR thường được sử dụng trong xét nghiệm dấu vân tay DNA ở người Việt Nam. Tạp chí *Y Học TP. Hồ Chí Minh*. Tập 15, Phụ bản của Số 1/2011.
3. Chakraborty, R. (1992) *Human Biology* 64:141-159
4. Fung, W.K., Hu, Y.Q. (2008). *Statistical DNA Forensics: Theory, Methods and Computation*. John Wiley & Sons Ltd.
5. Krenke, B. E., Tereba, A., Anderson, S. J., Buel, E., Culhane, S., Finis, C. J., Tomsey, C. S., Zachetti, J. M., Masibay, A., Rabbach, D. R., Amriott, E. A., and Sprecher, C. J. (2002). Validation of a 16-locus fluorescent multiplex system. *J. Forensic Sci.* 47(4): 773-785.
6. Miller, S. A., et al. (1988). A simple procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*, 16, 1215.
7. Park et al, (2007). *Method for performing multiplex PCR with cyclic changes of PCR parameters*, United States patent. No: US 7.183.056 B2.
8. Promega Corp. (Revised 5/2014), *Technical Manual PowerPlex® 16 HS Systems*. Part # TMD022 (5/14). Madison, WI 53711-5399 USA.
9. Peter M. Vallone, Carolyn R. Hill, John M. Butler (2008). Demonstration of rapid multiplex PCR amplification involving 16 genetic loci. *Forensic Science International: Genetics* 3: 42-45.
10. Shimada, I., Brinkmann, B., Tuyen, Hohoff, C. (2002). Allele frequency data for 16 STR loci in the Vietnamese population. *Int J Legal Med.* 116: 246-248
11. <http://www.saasweb.hku.hk/EasyDNA/>
<http://www.cstl.nist.gov/strbase/population/PopSurvey.htm>