ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์ การระบุแหล่งที่มาของดีเอ็นเอจากอสุจิหรือเลือด
โดยการตรวจดีเอ็นเอ เมทิเลชัน
ผู้เขียน นางสาว รัตนธิดา จำปาทอง
ปริญญา วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (นิติวิทยาศาสตร์)
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ศาสตราจารย์ นายแพทย์ ธานินทร์ ภู่พัฒน์

บทคัดย่อ

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อระบุชนิดและแหล่งที่มาของสารพันธุกรรมของอสุจิหรือเลือด โดยตรวจสอบความแตกต่างของเมทิเลชันในโมเลกุลของดีเอ็นเอ ทำการเก็บตัวอย่างเลือดจากอาสาสมัครเพศชาย จำนวน 20 คน และเก็บตัวอย่างอสุจิจากผู้บริจาคอีก 20 คน นำตัวอย่างเลือดและอสุจิมาสกัดดีเอ็นเอด้วยวิธี Chelex® แบ่งน้ำสกัดดีเอ็นเอที่ได้จากแต่ละตัวอย่างออกเป็นสองส่วน ส่วนแรกนำมาย่อยด้วยเอนไซม์ HhaI แล้วทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยเทคนิค PCR ที่ตำแหน่ง L16264 และ L68346 ส่วนที่เหลือนำมาทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมโดยไม่ผ่านการย่อย จากนั้นนำผลผลิตพีซีอาร์ทั้งหมดมาตรวจสอบผลโดย 2.5% agarose gel electrophoresis วิเคราะห์ผลเปรียบเทียบกันระหว่างผลผลิตพีซีอาร์จากตัวอย่างแม่แบบที่ผ่านการย่อยและไม่ผ่านการย่อย พบว่า 19 ใน 20 ตัวอย่าง (95%) ของดีเอ็นเอจากเลือดแสดงเมทิเลชันสูงที่ตำแหน่ง L16264 แต่ที่ตำแหน่ง L68346 แสดงเมทิเลชันต่ำในทุกตัวอย่าง (100%) สำหรับอสุจิพบว่า 18 ใน 20 ตัวอย่าง (90%) แสดงเมทิเลชันสูงที่ตำแหน่ง L68346 ในขณะที่ตำแหน่ง L16264 แสดงเมทิเลชันต่ำในทุกตัวอย่าง (100%) ดังนั้นจึงสรุปได้ว่า การประเมินระดับเมทิเลชันในโมเลกุลของดีเอ็นเอสามารถใช้เป็นเครื่องมือในการบอกแหล่งที่มาของดีเอ็นเอจากเลือดหรืออสุจิได้

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

Thesis Title Identification of DNA Origin from Spermatozoa or Blood Cell by Analysis of DNA Methylation

Author Miss Rattanathida Jumpathong

Degree Master of Science (Forensic Science)

Thesis Advisor Prof. Tanin Bhoopat, M.D.

Abstract

The study was aimed to identify DNA origin of spermatozoa or blood cell by examining the difference in DNA methylation. Blood samples were collected from 20 male volunteers while semen samples were donated by another 20 males. DNA samples were extracted using Chelex® method. All DNA extracts were divided into two parts. The first portion was digested by HhaI prior to amplification at loci 16264 and 68346 by PCR technique while another was subjected to direct amplification. All amplicons were analyzed by 2.5% agarose gel electrophoresis. The PCR products from digested and undigested samples were compared. It was found that 19 out of 20 (95%) DNA samples from blood showed high methylation on locus L16264 but low methylation was found at locus L68346 in all samples (100%). In case of semen, 18 out of 20 (90%) DNA samples revealed high methylation on locus L68346 while low methylation was detected at locus L16264 in all samples (100%). Thus, we concluded that the evaluation of methylation level on DNA molecules can be used as a tool to identify origin of DNA from blood or semen.

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved