Tạp chí Khoa học ĐHQGHN: Khoa học Tự nhiên và Công nghệ, Tập 31, Số 1 (2015) 50-56

Nghiên cứu khảo sát tần suất alen 15 locus đa hình STR ở quần thể người Việt

Lê Thị Bích Trâm[1,*], Trần Trọng Hội[1], Bùi Nguyên Hải[1], Nguyễn Thị Thu Hoài[1], Đinh Đoàn Long[2], Trịnh Đình Đạt[3]

[1]*Viện Kỹ thuật Hóa, Sinh và Tài Liệu nghiệp vụ, Tổng cục Hậu cần - Kỹ thuật, Bộ Công an, 47 Phạm Văn Đồng, Hà Nội, Việt Nam*

[2]*Khoa Y Dược, Đại học Quốc gia Hà Nội, 144 Xuân Thủy, Hà Nội, Việt Nam*

[3]*Sinh học, Trường Đại học Khoa học Tự nhiên, ĐHQĐHN, 334 Nguyễn Trãi, Hà Nội, Việt Nam*

Nhận ngày 26 tháng 6 năm 2015

Chỉnh sửa ngày 28 tháng 7 năm 2015; Chấp nhận đăng ngày 6 tháng 8 năm 2015

Tóm tắt: Trong nghiên cứu này, chúng tôi tiến hành khảo sát tần suất alen của 15 locus đa hình STR: D5S818, D7S820, D13S317, CSF1PO, TPOX, TH01, D16S539, D3S1358, vWA, F13B, FES/FPS, LPL, F13A01, D8S1179 và HPRTB ở 250 cá thể người Việt. Các phương pháp sử dụng bao gồm kỹ thuật PCR, kỹ thuật điện di nhuộm bạc, phương pháp đọc kiểu gen dựa trên thang alen chuẩn, tính toán các chỉ số dựa trên phương pháp thống kê. Tần suất phân bố alen của 15 locus đều phù hợp với phân bố lý thuyết theo định luật Hardy Weinberg. Kết quả đã phát hiện được 106 alen của 15 locus với tần suất phân bố từ 0,2% đến 68,8%. Có 12 alen hiếm trong số 106 alen đã được xác định với tần suất 0,2%. Phân bố tần suất alen có sự khác biệt ở 4/15, 9/15 và 7/15 locus khi lần lượt so sánh với tần suất phân bố ở các quần thể người Hán - Trung Quốc, người Ba Lan (khu vực miền Bắc) và người Mỹ (gốc Phi). Khả năng phân biệt đạt được ở tổ hợp 15 locus là 0,999999999999984. Có thể sử dụng 15 locus đa hình đã nghiên cứu trong ứng dụng nhận dạng cá thể và xác định huyết thống ở quần thể người Việt.

Từ khóa. Locus STR, nhận dạng cá thể, quần thể người Việt, tần suất alen.

1. Tổng quan

Tại Việt Nam, ứng dụng các kỹ thuật phân tích ADN trong nhận dạng cá thể người và xác định quan hệ huyết thống đã có những bước phát triển nhanh chóng. Nhằm chủ động trong công nghệ phân tích và phù hợp với điều kiện phòng thí nghiệm tại Việt Nam, Viện Kỹ thuật Hoá-Sinh và Tài liệu nghiệp vụ, Tổng cục Hậu cần - Kỹ thuật - Bộ Công an đã nghiên cứu chế tạo thành công KIT phân tích đa gen sử dụng 15 locus đa hình STR [1-3]. Các kết quả nghiên cứu hiện nay đã và đang được ứng dụng tốt trong trong phân tích gen hình sự tại một số cơ sở giám định tại địa phương như: Hà Nội, Hải Phòng, Thanh Hóa, Cần Thơ, Khánh Hòa... Đồng thời, để có thể tính toán được độ tin cậy trong phân tích ADN sử dụng cho nhận dạng cá

[*] Tác giả liên hệ. ĐT: 84-983021216.
Email: lebichtram94@gmail.com

thể hay xác định quan hệ huyết thống, việc xây dựng cơ sở dữ liệu về tần số phân bố các các alen của các locus đa hình STR trong mỗi quần thể người là rất quan trọng. Trong nghiên cứu này, chúng tôi đã tiến hành khảo sát tần suất alen của 15 locus đa hình STR trên 250 cá thể người Việt.

Nghiên cứu của chúng tôi tiếp nối kết quả của các nghiên cứu trước [1-3, 14, 15] với mục đích: Khảo sát, xây dựng bảng phân bố tần suất alen của 15 locus STR (D5S818, D7S820, D13S317, CSF1PO, TPOX, TH01, D16S539, D3S1358, vWA, F13B, FES/FPS, LPL, F13A01, D8S1179 và HPRTB) đồng thời đánh giá tính đa hình và khả năng phân biệt cá thể khi sử dụng tổ hợp 15 locus ở quần thể người Việt.

2. Nguyên liệu và phương pháp nghiên cứu

2.1. Nguyên liệu

250 mẫu máu của các cá thể người Việt khoẻ mạnh, không có cùng quan hệ họ hàng, được thu ngẫu nhiên (tại Hải Phòng).

Bộ mồi tự thiết kế cho 15 locus STR và mồi cho locus giới tính Amelogenin (Promega thiết kế) - tổng hợp bởi IDT - Mỹ.

Mẫu ADN chuẩn K562 (Promega). Các hóa chất dùng cho tách ADN, PCR và điện di, nhuộm bạc (của các hãng Invitrogen, BioRad, Merck).

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Tách chiết ADN bằng phương pháp tách vô cơ sử dụng Chelex 100. Phản ứng PCR multiplex được thực hiện sử dụng các cặp mồi tự thiết kế và thang alen chỉ thị tự chế tạo tại Việt Nam dựa trên các nghiên cứu trước đây [1-3, 14, 15]. Sản phẩm PCR được điện di phân tách trên gel PA biến tính 5%, băng ADN được phát hiện theo phương pháp nhuộm bạc.

Phương pháp kiểm tra χ^2 được sử dụng để kiểm tra mức độ đồng nhất, ngẫu nhiên, độc lập và sự phù hợp giữa tần suất thu được từ thí nghiệm so với tần suất lý thuyết được tính từ định luật cân bằng Hardy-Weinberg. Tính toán các chỉ số thống kê cho quần thể bao gồm PD (khả năng phân biệt) và PE (khả năng loại trừ) [5].

3. Kết quả và thảo luận

3.1. Kết quả khảo sát tần suất alen 15 locus đa hình STR

Sử dụng các phương pháp đã nêu, chúng tôi đã xác định kiểu gen và khảo sát tần suất alen của 15 locus gồm D5S818, D7S820, D13S317 - CSF1PO, TPOX, TH01 - D16S539, D3S1358, vWA - F13B, FES/FPS, LPL - F13A01, D8S1179 và HPRTB ở 250 cá thể người Việt (bảng 1).

Kiểm tra chỉ số χ^2 cho thấy tần suất phân bố của 15 locus STR từ kết quả của chúng tôi là phù hợp với phân bố lý thuyết theo định luật cân bằng Hardy-Weinberg với độ tin cậy 95%. Số alen khảo sát được của 15 locus thể hiện ở bảng 2.

Tổng số các alen khảo sát được cho 15 locus là 106 alen. Các alen này cũng đã bắt gặp trong nghiên cứu khảo sát tần suất ở nhiều quần thể người nước ngoài khác [6-10, 13, 16] . Riêng alen số 9 của locus D8S1179 chưa thấy xuất hiện trong 250 cá thể chúng tôi khảo sát. Alen này đã có trong các quần thể người Mỹ (gốc Phi), người Hán (Trung Quốc) và người Ba Lan (miền Bắc) [13]. Alen số 8 của locus D5S818 cũng chưa thấy xuất hiện trong nghiên cứu của chúng tôi cũng như nghiên cứu của

Liang Lei ở người Hán - Trung Quốc [9]. Nghiên cứu của Hill ở người Mỹ và người Ba Lan [6, 13] đã thấy có mặt alen này.

Có 12/106 alen có tần suất rất thấp, chiếm tỷ lệ chỉ 0,2% trong quần thể chúng tôi khảo sát (alen số 8 của locus CSF1PO; alen số 8 và số 15 - D16S539; số 14 – D7S820; số 8 và số 18 - D8S1179; số 8 và số 13 - F13A01; số 7 và số 11 - F13B; số 15 - FES/FPS, số 8 - LPL). Đây là các alen hiếm gặp trong quần thể người Việt. Trong số này alen số 15 của locus FES/FPS đã thấy xuất hiện trong nghiên cứu của chúng tôi nhưng chưa thấy có ở quần thể người Mỹ, người Ba Lan và người Hán Trung Quốc [4, 6, 10].

Bảng 1. Tần suất alen của 15 locus đa hình STR trên 250 cá thể người Việt

Alen	CSF1PO	D13S317	D16S539	D3S1358	D5S818	D7S820	D8S1179	F13A01	F13B	FES/FPS	HPRTB	LPL	TH01	TPOX	vWA
3.2	---	---	---	---	---	---	---	0.402	---	---	---	---	---	---	---
4	---	---	---	---	---	---	---	0.19	---	---	---	---	---	---	---
5	---	---	---	---	---	---	---	0.056	---	---	---	---	---	---	---
6	---	---	---	---	---	---	---	0.342	---	---	---	---	0.144	---	---
7	0.004	---	---	---	0.056	0.008	---	0.006	0.002	---	---	---	0.342	0.014	---
8	0.002	0.298	0.002	---	---	0.152	0.002	0.002	0.048	0.008	---	---	0.068	0.578	---
9	0.032	0.142	0.244	---	0.088	0.05	---	---	0.256	0.018	---	0.002	0.338	0.1	---
10	0.192	0.146	0.116	---	0.23	0.174	0.14	---	0.688	0.068	---	0.646	0.108	0.036	---
11	0.288	0.226	0.308	---	0.274	0.4	0.158	---	0.002	0.464	0.144	0.088	---	0.258	---
12	0.396	0.146	0.22	---	0.206	0.184	0.152	---	---	0.268	0.236	0.246	---	0.014	---
13	0.078	0.034	0.092	0.004	0.13	0.03	0.182	0.002	0.004	0.148	0.4	0.018	---	---	0.004
14	0.008	0.008	0.016	0.03	0.016	0.002	0.142	---	---	0.024	0.172	---	---	---	0.296
15	---	---	0.002	0.356	---	---	0.142	---	---	0.002	0.044	---	---	---	0.022
16	---	---	---	0.332	---	---	0.062	---	---	---	0.004	---	---	---	0.144
17	---	---	---	0.226	---	---	0.018	---	---	---	---	---	---	---	0.232
18	---	---	---	0.048	---	---	0.002	---	---	---	---	---	---	---	0.204
19	---	---	---	0.004	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.074
20	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.024
PD	0.872	0.929	0.914	0.861	0.932	0.902	0.961	0.839	0.643	0.854	0.886	0.706	0.883	0.776	0.924
PE	0.500	0.513	0.534	0.453	0.513	0.599	0.629	0.404	0.143	0.316	---	0.202	0.466	0.246	0.541

PD: Khả năng phân biệt của locus trong quần thể
PE: Khả năng loại trừ của locus trong quần thể

Bảng 2. Số lượng alen khảo sát được của 15 locus STR từ 250 cá thể người Việt

Locus	Số alen	Locus	Số alen
D5S818	7 (7; 9 →14)	D3S1358	7 (13→19)
D7S820	8 (7→ 14)	vWA	8 (13→20)
D13S317	7 (8→14)	F13B	6 (7 → 11; 13)
CSF1PO	8 (7→14)	FES/FPS	8 (8→15)
TPOX	6 (7→12)	LPL	5 (9→13)
TH01	5 (6→10)	F13A01	7 (3,2; 4 → 8; 13)
D16S539	8 (8→15)	D8S1179	10 (8; 10→18)
		HPRTB	6 (11 →16)

Sự tương đồng và khác biệt về phân bố tần suất alen cũng thấy được khi so sánh dữ liệu khảo sát của chúng tôi với dữ liệu đã công bố ở một số quần thể thuộc ba châu lục khác nhau : quần thể người Hán - Trung Quốc, người Mỹ (gốc Phi) và người Ba Lan (khu vực miền Bắc) [6, 13, 16].

Có sự tương đồng về phân bố tần suất ở 11/15 locus giữa nghiên cứu của chúng tôi và nghiên cứu của Liang Lei ở 183 quần thể người Hán [9]. Ví dụ locus D7S820 tần suất phân bố cao nhất ở alen số 11, thấp nhất ở alen số 14 đối với cả hai nhóm quần thể; locus D5S818 tần suất phân bố cao nhất ở alen số 11; locus CSF1PO tần suất phân bố cao nhất tập trung ở alen số 12 ở cả hai nhóm quần thể. Phân bố tương đồng ở các locus TPOX, D3S1358, FES/FPS, F13B, LPL, D8S1179, vWA và HPRTB cũng thấy được ở hai quần thể người Việt và người Hán. Đối với 04 locus còn lại (TH01, D16S539, D13S317 và F13A01), có sự khác biệt về phân bố tần suất giữa hai quần thể. Ở locus TH01, tần suất phân bố cao nhất tập trung ở alen số 7 (34,2%) trong quần thể người Việt trong khi phân bố này ở quần thể người Hán lại tập trung cao nhất ở alen số 9 với tỷ lệ lên tới 48,4%. Ở locus D16S539, tần suất phân bố cao nhất theo nghiên cứu của chúng tôi tập trung ở alen số 11 (với tỷ lệ 30,8%), còn trong ở quần thể người Hán, tần suất phân bố cao nhất ở alen số 9 (chiếm 30,2%). Locus D13S317 và F13A01cũng có sự khác biệt như vậy.

Sự khác biệt về phân bố nhận thấy ở 07/15 locus (D5S818, D7S820, D13S317, F13B, F13A01, D8S1179 và vWA) khi so sánh kết quả nghiên cứu của chúng tôi với kết quả nghiên cứu của Hill và Iva Gomes ở quần thể người Mỹ gốc Phi [6, 7] . So sánh với kết quả nghiên cứu ở nhóm quần thể người Ba Lan [4, 13, 16], sự khác biệt về tần suất phân bố nhận thấy ở 9/15 locus (D5S818, D7S820, D13S317, CSF1PO, TH01, D16S539, F13A01, vWA và HPRTB).

Có thể thấy mỗi quần thể khác nhau lại mang một đặc trưng riêng về phân bố tần suất ở 15 locus STR. Do vậy việc khảo sát tần suất alen riêng cho mỗi quần thể là hết sức cần thiết để sử dụng trong tính toán độ tin cậy trong truy nguyên cá thể cũng như xác định huyết thống.

3.2. Kết quả đánh giá mức độ đa hình và khả năng phân biệt cá thể của 15 locus STR ở quần thể người Việt:

Theo nghiên cứu của Shriver [12], một locus được coi là có tính đa hình cao khi đạt được chỉ số PD (khả năng phân biệt) lớn hơn 0,8 và/hoặc đạt được chỉ số PE (khả năng loại trừ) lớn hơn 0,5. Jian Liu [8] cũng đánh giá tính đa hình của 19 locus STR trên 150 cá thể người Mãn Châu - Trung Quốc dựa trên nghiên cứu này.

Căn cứ vào kết quả tính toán chỉ số PD, PE của chúng tôi (bảng 1) có 12/15 locus có chỉ số PD > 0,8 và 06/15 locus có chỉ số PE > 0,5; 06/16 locus đáp ứng được cả hai chỉ số PD > 0,8 và PE > 0,5 bao gồm các locus D5S818, D7S820, D13S317, D16S539, vWA và D8S1179 trong đó locus D8S1179 có chỉ số PD và PE cao nhất với các giá trị tương ứng là 0,961 và 0,713; thể hiện tính đa hình cao nhất. Đối với quần thể người Ba Lan [13] và người Hán - Trung Quốc [9] chỉ số PD đạt được ở locus D8S1179 cũng rất cao với các giá trị tương ứng là 0,926 và 0,951; chỉ số PE tương ứng là 0,444 và 0,654.

Có 03/15 locus trong nghiên cứu của chúng tôi có chỉ số PD < 0,8 là các locus F13B, LPL và TPOX; trong đó locus F13B có chỉ số PD thấp nhất với giá trị 0,643. Trong nghiên cứu của Nata [10] chỉ số PD của locus F13B đạt được cũng thấp hơn so với các locus khác với giá trị là 0,679. Tuy nhiên ở nghiên cứu của

Ewa trên 949 cá thể người Ba Lan [4], chỉ số PD đạt được ở locus này tương đối cao với giá trị là 0,849.

Dựa vào các chỉ số này, có thể sắp xếp khả năng phân biệt từ cao đến thấp của 15 locus nghiên cứu lần lượt như sau: D8S1179; D5S818; D13S317; vWA; D16S539; D7S820; FES/FPS; HPRTB; TH01; CSF1PO; D3S1358; F13A01; TPOX; LPL; F13B.

Khả năng phân biệt đạt được với tổ hợp 9 locus là trên 0,99999999 và với 15 locus là trên 0,9999999999999. Trong nghiên cứu của Szczerkowska trên 145 cá thể người Ba Lan [13], khả năng phân biệt đạt được với tổ hợp 15 locus STR là 0,99999999999999999 cao hơn so với nghiên cứu của chúng tôi. Tuy nhiên ở đây tác giả sử dụng hệ locus thuộc bộ kit AmpF/STR Identifiler (AB - Mỹ), trong đó có 9/15 locus giống với các locus mà chúng tôi khảo sát. Nghiên cứu của Liang Lei trên 183 cá thể người Hán – Trung Quốc [9] cũng đưa ra khả năng phân biệt cho tổ hợp 12 locus STR là 0,999999999999999 khi sử dụng bộ kit Investigator HDplex của hãng Quiagen - Đức. Đây là tổ hợp các locus hoàn toàn mới và cũng mới được hãng Quiagen đưa ra thương mại hóa, không có locus nào trùng với các locus mà chúng tôi nghiên cứu.

4. Kết luận

Đã khảo sát tần suất alen 15 locus STR đa hình (D5S818, D7S820, D13S317 , CSF1PO, TPOX, TH01, D16S539, D3S1358, vWA, F13B, FES/FPS, LPL, F13A01, D8S1179 và HPRTB) ở 250 cá thể người Việt , phát hiện và xây dựng bảng phân bố tần suất cho 106 alen ở 15 locus. Đã đánh giá được tính đa hình và khả năng phân biệt cá thể của tổ hợp 15 locus STR trong phân tích nhận dạng cá thể ở quần thể người Việt. Khả năng phân biệt cá thể khi sử dụng tổ hợp 15 locus STR đạt được là trên 0,9999999999999. Có thể sử dụng kết quả khảo sát tần suất alen 15 locus STR cho tính toán độ tin cậy trong truy nguyên cá thể và xác định huyết thống ở quần thể người Việt.

Tài liệu tham khảo

[1] Nghiêm Xuân Dũng, Trần Minh Đôn,Lương Thị Yến, Lê Thị Bích Trâm, Trịnh Tuấn Toàn (2004). "Xác định điều kiện tối ưu của phản ứng PCR sử dụng phức mồi 3 locus D5S818 - D7S820 - D13S317". Báo cáo khoa học Hội nghị toàn quốc 2004. Những vấn đề nghiên cứu cơ bản trong khoa học sự sống, tr. 389 - 392.

[2] Nghiêm Xuân Dũng, Lương Thị Yến, Lê Thị Bích Trâm, Nguyễn Thanh Hà, (2005). "Kết quả nghiên cứu tối ưu điều kiện PCR phức 3 cặp mồi các locus CSF1PO, TPOX, TH01", Báo cáo khoa học hội nghị toàn quốc 2005. Những vấn đề nghiên cứu cơ bản trong khoa học sự sống, tr. 1167 – 1170.

[3] Trần Minh Đôn, Nghiêm Xuân Dũng, Lương Thị Yến, Lê Thị Bích Trâm, Trần Trọng Hội, Trần Minh Trí (2005). "Thiết kế mồi và tối ưu hoá phản ứng PCR locus đa hình D3S1358 sử dụng trong nhận dạng cá thể người". Báo cáo khoa học hội nghị toàn quốc 2005. Những vấn đề nghiên cứu cơ bản trong khoa học sự sống, tr.1188-1190.

[4] Ewa Raczek (2006). "Population data on the 11 STR loci in the Upper Silesia (Poland)". Forensic Sci Int 168: 68-72.

[5] Frank HS (2010), Calculation for Molecular Biology and Biotechnology. Elservier Inc.

[6] Hill CR, Duewer DL, Kline MC, Coble MD, Butler JM (2013) U.S. population data for 29 autosomal STR loci. Forensic Sci. Int. Genet. 7: e82-e83

[7] Iva Gomes, Mechthild Prinz, Rui Pereira, Carole Meyers, Rebecca S. Mikulasovich, Antonio Amorim, Angel Carracedo, Leonor Gusmao (2007). "Genetic analysis of three US population groups using an X-chromosomal STR decaplex". Int J Legal Med 121: 198-203.

[8] Jian Liu, Li Guo, Rong Qi, Shu-yin Li, Jiao-yan Yin, WeiZhang, Zhongfu Sun, Xiurong Tian, Bing Gao (2013). "Allele frequencies of 19 autosomal STR loci in Machu population of

China with phylogenetic structure among worldwide population". Gene 529: 282-287.

[9] Liang Lei, Jie Xu, Quingqing Du, Lihong Fu, Xiaojing Zhang, Feng Yu, Chunling Ma, Bin Cong, Shujin Li (2015). "Genetic polymorphism of the 26 short tandem repeat loci in the Chinese Hebei Han population using two commercial forensic kits". Mol Bio Rep 42 : 217-225.

[10] Nata M., Kimura T., Hashiyada M., He P., Yan W., Li X., Funayama M.,Sagisaka K. (1999). "Allele frequencies of eight STRs in Japanese and Chinese". Int J Leg Med 112: 396-399.

[11] Qiu-Ling Liu, De-Jian Lu, Xin-Guo Li, Hu Zhao, Jian-Miao Zhang, Yun-Ke Lai, Ye-Fei Chen (2011). "Development of the nine X-STR loci typing system and genetich analysis in three nationality populations from China". Int J Leg Med 125: 51-58.

[12] Shriver MD, Jin L, Boerwinkle E, Deka R, Ferrell RE, Chakraborty R (1995). A novel measure of genetic distance for highly polymorphic tandem repeat loci. Mol Bio and Evol 12, 914-920.

[13] Szczerkowska Z, Kapinska E, Wysocka J, Cybulska L (2004). "Northern Polish population data and forensic usefulness of 15 autosomal STR loci". Forensic Sci Int 144: 69-71.

[14] Lê Thị Bích Trâm, Lương Thị Yến, Trần Minh Đôn, Nguyễn Thanh Hà, Đinh Đoàn Long, Trịnh Đình Đạt (2011). Nghiên cứu thiết kế mồi, tối ưu điều kiện phản ứng PCR phức ba locus : F13A01 - D8S1179 - HPRTB và locus giới tính Amelogenin. Tạp chí phân tích Hóa-Lý và Sinh học. T-16 - Số 2/2011. Trang 39-43.

[15] Lê Thị Bích Trâm, Trần Trọng Hội, Bùi Nguyên Hải, Nguyễn Văn Hà, Đinh Đoàn Long, Trịnh Đình Đạt (2011). Kết quả nghiên cứu chế tạo thang alen chỉ thị các locus đa hình F13A01, D8S1179 và HPRTB ở người Việt. Tạp chí phân tích Hóa-Lý và Sinh học. Tạp chí phân tích Hóa-Lý và Sinh học. T-16 - Số 1/2011. Trang 10-14.

[16] Witold Pepinski, Malgeorzata Skawronska, Anna Niemcunowicz-Janica, Ewa Koc-Zorawska, Jerzy Janica, Ireneusz Soltyszewski (2005). "Polymorphism of four X-chromosomal STRs in a Polish population sample". Forensic Sci Int 151: 93-95.

Allele Frequencies of Fifteen STR Loci D5S818, D7S820, D13S317, CSF1PO, TPOX, TH01, D16S539, D3S1358, vWA, F13B, FES/FPS, LPL, F13A01, D8S1179 and HPRTB in Vietnamese Kinh Population

Lê Thị Bích Trâm[1], Trần Trọng Hội[1], Bùi Nguyên Hải[1], Nguyễn Thị Thu Hoài[1], Đinh Đoàn Long[2], Trịnh Đình Đạt[3]

[1]*Institute of Biochemistry and Security Document Technique - Ministry of Public Security, 47 Phạm Văn Đồng, Hanoi, Vietnam*

[2]*School of Medicine and Pharmacy, Vietnam National University, Hanoi, 144 Xuân Thủy, Hanoi, Vietnam*

[3]*Faculty of Biology, VNU University of Science, 334, Nguyễn Trãi, Hanoi, Vietnam*

Abstract: Fifteen STR loci were analyzed on 250 unrelated individuals of Kinh population from Hải Phòng province of Vietnam. The 15 STRs were all in Hardy-Weinberg equilibrium. Allele frequency for a total of 106 observed alleles is from 0.002 to 0.688. Twelve rare alleles were identified and named 8 (CSF1PO); 8 and 15 (D16S539); 14 (D7S820); 8 and 18 (D8S1179), 8 and 13 (F13A01); 7 and 11 (F13B), 15 (FES/FPS) and 8 (LPL). The frequency of each allele was only 0.002. Differences

on allele contribution were observed in 4, 9 and 7 of fifteen loci when comparing with same STR loci in Chinese (Han), Polish (North region) and American (Africa) populations, respectively. Combined power of discrimination (PD) were investigated for multiplexes of 9 and 15 loci equaled to 0,999999998558004 and 0,999999999999984, respectively. These 15 STR loci could provide highly informative polymorphic data for paternity testing and forensic identification in the Kinh population in Vietnam.

Keywords: Allele frequency, power of discrimination, STR loci, Vietnamese population.