

ข้อพิจารณาเกี่ยวกับการทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากวัตถุพยานประเภทลายพิมพ์นิ่วเมือ

Considerations on DNA profiling from fingerprint evidence

ผู้วิจัย ร.ต.อ. หญิง เกศราพร นนทกิจภรณ์, วนัชกรณ์ บุญอัครสวัสดิ์, ณัฐรินี พันธุ์วิศาสาส, ปัญจภัทร โสจิกุล

หลักสูตรวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชานิติวิทยาศาสตร์(นานาชาติ) หน่วยสหสาขาวิชา
คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้ชี้ให้เห็นถึงสิ่งที่ต้องพิจารณาเมื่อทำการทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากวัตถุพยานประเภทลายพิมพ์นิ่วเมือดังนี้ จากการวิจัยพบว่าการทำการทำลายพิมพ์พันธุกรรมด้วยวิธีการมาตราฐานซึ่งทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยปฏิกริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรส(PCR) จำนวน 28 รอบนั้นไม่ได้ผลลายพิมพ์พันธุกรรมแต่หากใช้จำนวน 34 รอบ (Low copy number analysis; LCN) ได้ลายพิมพ์พันธุกรรมที่มี 2 half-loci และมี 8 loci กับ 2 half-loci จากลายนิ่วเมือแห่ง 1 และ 4 รอยตามลำดับ ในงานวิจัยได้แสดงให้เห็นว่ามีอัลลีลปรากฏในลายพิมพ์พันธุกรรมจากพื้นผิวนั้นแปรรูปของแบ่งปันฝุ่นลายนิ่วเมือแห่งใหม่จำนวน 5 จาก 10 แปรรูปที่ทดสอบ แต่ไม่ได้ลายพิมพ์พันธุกรรมจากผงฝุ่นดำที่ใช้ในงานวิจัย นอกจากนี้การทำการทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากตัวอย่างสิ่งป้ายกาว (swab) พื้นผิวกระจกที่ใช้แปรรูปฝุ่นลายนิ่วเมือแห่งใหม่เป็นปั๊กหยดน้ำลายสุดก่อนที่จะปั๊กแปรรูปบนพื้นผิวสะอาด พบว่าได้ลายพิมพ์พันธุกรรมแบบไม่สมบูรณ์ที่มี 11-15 loci จากทั้ง 5 แปรรูปที่ทดสอบ และคงให้เห็นว่าแปรรูปฝุ่นลายนิ่วเมือแห่งเป็นสิ่งที่ทำให้เกิดการถ่ายโอนวัตถุทางชีวภาพได้ และเมื่อวิเคราะห์สารพันธุกรรมบนพื้นผิวนั้นแปรรูปที่ใช้พนับลายพิมพ์พันธุกรรมแบบไม่สมบูรณ์ที่มี 11-15 และ 1-5 loci จากนั้นแปรรูปที่ผ่านการปั๊กหยดน้ำลายสุด 3 และ 1 แปรรูปตามลำดับและไม่ได้ผลลายพิมพ์เพียง 1 แปรรูป ส่วนแปรรูปที่ผ่านการปั๊กทราบน้ำลายแห้งได้ลายพิมพ์พันธุกรรมแบบไม่สมบูรณ์จากเพียง 1 แปรรูปและไม่ได้ผลลายพิมพ์ 4 แปรรูป ซึ่งชี้ให้เห็นว่าวัตถุทางชีวภาพนั้นสามารถคงอยู่บนแปรรูปฝุ่นลายนิ่วเมือแห่งได้ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อมของวัตถุทางชีวภาพที่ได้สัมผัส

คำสำคัญ : ลายนิ้วมือแฝง, ลายพิมพ์พันธุกรรม, เทคนิค LCN, การถ่ายโอนวัตถุทางชีวภาพ

Abstract

This study revealed considerations to be made on DNA profiling from fingerprint evidence as follow. Null profiles were obtained when the routine DNA typing protocol, using 28 amplification cycles, was applied. However, when 34 amplification cycles (low copy number; LCN) typing protocol was applied, incomplete DNA profiles in which 2 half-loci, and 8 full-loci with 2 half-loci were obtained from 1 and 4 untreated fingerprint samples, respectively. DNA analysis of 10 new fingerprint brushes revealed that there were few alleles were present in 5 out of 10 DNA profiles. In contrast, there were no DNA profiles generated from the black fingerprint powder used in this study. Incomplete DNA profiles with 11-15 loci were obtained from the analysis of all 5 cotton swabs collected from surfaces that were dusted with fingerprint brush exposed to fresh saliva. This confirmed the transfer of biological material *via* fingerprint brush. Out of 5 samples, there were 3 and 1 incomplete DNA profiles with 11 - 15 and 1-5 loci generated from brush hair samples collected from fingerprint brushes exposed to fresh saliva; only one sample gave a null profile result. In contrast, 4 null profiles were obtained from brush hair samples collected from fingerprint brushes exposed to dried saliva stains, only 1 sample gave an incomplete DNA profile. These confirmed that biological materials persisted on fingerprint brushes, and persistence of these biological materials on brush hairs depended upon their nature.

Key Words: latent fingerprint, DNA profile, LCN typing, the transfer of biological material

บทนำ

การทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากวัตถุพยานประเกทลายพิมพ์นิ้วมือเป็นอีกทางเลือกหนึ่งในการพิสูจน์เอกสารลักษณ์บุคคลของผู้ต้องสงสัยเมื่อการตรวจเปรียบเทียบลายนิ้วมือแฝงที่ได้จากการใช้แปรรูปด้วยคอมพิวเตอร์ไม่สามารถจัดให้เข้ากันได้ ดังนั้นการเพิ่มความแม่นยำของการตรวจจับลายพิมพ์พันธุกรรมจึงเป็นเรื่องที่สำคัญ สำหรับการลดข้อบกพร่องในกระบวนการนี้ ทั้งนี้ จึงต้องพัฒนาและปรับปรุงเครื่องมือและเทคนิคต่างๆ ให้เหมาะสมกับสภาพความเป็นมาของประเทศไทย รวมทั้งต้องมีการศึกษาและพัฒนาเทคโนโลยีใหม่ๆ ที่สามารถช่วยให้การตรวจจับลายพิมพ์พันธุกรรมมีประสิทธิภาพและแม่นยำยิ่งขึ้น

อย่างไรก็ตามการทำลายพิมพ์พันธุกรรมดังกล่าวมักปรากฏภายพิมพ์พันธุกรรมของหลายบุคคลทำให้การอธิบายลายพิมพ์พันธุกรรมดังกล่าวมีความซับซ้อนและต้องใช้ความระมัดระวังเพื่อให้ส่งผลกระทบในการใช้วัตถุพยานดังกล่าวน้อยที่สุด นอกจากนี้ยังมีปัจจัยที่ลายพิมพ์พันธุกรรมที่ได้เข้ากันได้กับผู้ต้องสงสัยแต่ก็จะมีอัลลิบานงอัลลิลที่ไม่สอดคล้องกับผู้ต้องสงสัยปราศอยู่ทำให้น้ำหนักของวัตถุพยานดังกล่าวลดลง ซึ่งมีความเป็นไปได้ว่าการปรากฏของอัลลิลดังกล่าวนั้นอาจเกิดจากการใช้แปรงปีดผุ่นลายนิ่วมือแหงช้าๆ [Alessandrini, F.(2003), Kanable, R.(2005), van Oorschot(1997)]

จากการทบทวนวรรณกรรมพบว่า ในปี ค.ศ. 2005 Oorschot et al. ได้ทำการทดลองเพื่อศึกษาการสะสมและการถ่ายโอนของสารพันธุกรรมผ่านทางแปรงปีดผุ่นลายนิ่วมือแหง โดยใช้แปรงปีดผุ่นลายนิ่วมือแหงที่ป่นเปื้อนด้วยน้ำลายไปปีดบนแผ่นพลาสติกสะอาดจำนวน 20 แผ่น อย่างต่อเนื่องเพื่อตรวจสอบปริมาณการถ่ายโอนของสารพันธุกรรม ผลปรากฏว่าปริมาณของสารพันธุกรรมจากน้ำลายบนแผ่นพลาสติกลดลงตามลำดับของแผ่นพลาสติกที่เพิ่มขึ้น [Van Oorschot(2005)] ต่อมาในปี ค.ศ. 2006 Proffet et al. ได้ทำการทดลองเพื่อศึกษาการป่นเปื้อนด้วยสารพันธุกรรมและการถ่ายโอนแบบทุติยภูมิผ่านแปรงปีดผุ่นลายนิ่วมือแหงพบว่า 86% ของแปรงที่ถูกใช้ในงานตรวจสอบที่เกิดเหตุเป็นประจำพบลายพิมพ์พันธุกรรมและชี้ให้เห็นว่าสารพันธุกรรมสามารถติดอยู่บนขนแปรงปีดผุ่นลายนิ่วมือแหง [Proff, C.(2006)] ซึ่งโดยส่วนใหญ่แล้วแปรงเหล่านี้ถูกเก็บอยู่ในกระเพาตรวจสอบที่เกิดเหตุมีการใช้ช้าโดยไม่ได้นำมาทำความสะอาดก่อน

ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงทำการทดลองเพื่อศึกษาเรื่องไขที่เหมาะสมในการทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากวัตถุพยานประเภทลายพิมพ์นิ่วมือ และแสดงให้เห็นถึงการถ่ายโอน (transfer) และการคงอยู่ (persistence) ของวัตถุทางชีวภาพบนแปรงปีดผุ่นลายนิ่วมือแหง ซึ่งเป็นสิ่งสำคัญที่ต้องพิจารณาและระมัดระวังในการทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากวัตถุพยานประเภทลายพิมพ์นิ่วมือ

วัตถุประสงค์ของการวิจัย

- ศึกษาเรื่องไขที่เหมาะสมในการทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากวัตถุพยานประเภทลายพิมพ์นิ่วมือ
- ตรวจสอบการสะสมของวัตถุทางชีวภาพบนแปรงปีดผุ่นลายนิ่วมือแหงใหม่และผุงผุนที่ใช้ร่วมกัน

3. ตรวจสอบการถ่ายโอน (transfer) และการคงอยู่ (persistence) ของวัตถุทางชีวภาพบนแปรรูปด้วยน้ำลายเมือแฟง

วิธีการวิจัย

1. การเตรียมตัวอย่าง

ในงานวิจัยนี้ใช้วัตถุทางชีวภาพ 2 ชนิด คือ ลายน้ำมือแฟงและน้ำลายจากอาสาสมัครจำนวน 2 คน ลายน้ำมือแฟงได้มาจากอาสาสมัครชายซึ่งทำการกิจกรรมปกติหลังจากตื่นนอนในตอนเช้าประมาณ 3 ชั่วโมง โดยใช้น้ำหัวแม่มือข้างขวาประทับลงบนแผ่นกระดาษเป็นเวลาประมาณ 10 วินาทีต่อการประทับ 1 ครั้ง และประทับต่อเนื่องเป็นจำนวน 4 ครั้ง ส่วนน้ำลายได้มาจากอาสาสมัครหญิงซึ่งทำการล้างปากตามปกติหลังจากตื่นนอนในตอนเช้าประมาณ 3 ชั่วโมงและยังไม่ได้รับประทานอาหารใด โดยหลังน้ำลายจากช่องปากลงไปในหลอดทดลองนำไปเก็บไว้ในถุงเย็นที่อุณหภูมิ 4 องศาเซลเซียส ซึ่งจะคงไว้ทั่วหลอดทดลองก่อนนำไปใช้ [Duangshatome, W.(2011)] สำหรับทราบน้ำลายเตรียมจากน้ำลายบริมาณ 10 ไมโครลิตรหยดลงบนแผ่นกระดาษ โดยใช้ทันทีในกรณีที่ทำการทดลองด้วยหยดน้ำลายสดส่วนในกรณีที่ทำการทดลองด้วยทราบน้ำลายแห้งจะรอจนกว่าหยดน้ำลายนั้นแห้งสนิทวัตถุทางชีวภาพทั้งสองชนิดถูกเตรียมและใช้ในการทดลองภายใต้เงื่อนไขที่เก็บวัตถุทางชีวภาพนั้น

แปรรูปด้วยน้ำมือแฟงที่ใช้ในงานวิจัยนี้ทั้งหมดเป็นแปรรูปใหม่และเป็นชนิดที่ทำมาจากขนอูฐ แปรรูปเหล่านี้ถูกตรวจสอบสารพันธุกรรมก่อนนำไปใช้ แผ่นกระดาษที่ใช้ในงานวิจัยนี้ทั้งหมดผ่านการทำความสะอาดจนไม่มีสารพันธุกรรมหลงเหลืออยู่ก่อนนำไปใช้

2. การเก็บตัวอย่างและการวิเคราะห์สารพันธุกรรม

ในงานวิจัยนี้ทำการเก็บตัวอย่างเพื่อวิเคราะห์สารพันธุกรรมจากพื้นผิว 2 แบบ ได้แก่ พื้นผิวของน้ำมือแฟงด้วยน้ำลายและพื้นผิวของแผ่นกระดาษ โดยการสูบดึงบนแปรรูปจากฐานแปรรูปจำนวน 10 เส้นต่อแปรรูป มาใส่ไว้ในหลอดไมโครเซนติฟิวชันขนาด 1.5 มิลลิลิตร ส่วนการเก็บตัวอย่างจากพื้นผิวแผ่นกระดาษใช้วิธี double swab technique

การสกัดสารพันธุกรรมใช้ Wizard® SV Genomic DNA Purification kit วัดปริมาณโดย NanoDrop™ 1000 spectrophotometer และทำลายพิมพ์พันธุกรรมโดยใช้ AmpFISTR® Identifiler® PCR amplification Kit (Applied Biosystem, USA) ตามวิธีการที่ระบุไว้ในคู่มือ [AmpFISTR® Identifiler®(2006),

NanoDrop 1000(2008), Wizard® SV(2009) ชี้ให้ทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมของเครื่องหมายโภคภูมิด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรส (PCR) จำนวน 28 รอบ และหากใช้เทคนิคการวิเคราะห์สารพันธุกรรมที่มีจำนวนน้อย (Low copy number; LCN technique) จะทำปฏิกิริยาจำนวน 34 รอบ สำหรับการวิเคราะห์แบบ LCN ใช้วิธีพิจารณา consensus DNA profiles (ข้อมูลอัลลิลที่ปรากฏขึ้นซ้ำเกินกว่า 1 ครั้ง จากการทำลายพิมพ์พันธุกรรมซ้ำ 3 รอบ) ซึ่งวิธีการนี้สามารถช่วยลดโอกาสรายงานอัลลิลคลาดเคลื่อนจากการวิเคราะห์ตัวอย่างสารพันธุกรรมที่มีคุณภาพดี [Gill, P., Budowle, B.(2000), ISFG.org.(2012)), Kloosterman, A.(2003)]

3. ขั้นตอนการวิจัย

ทำการเปรียบเทียบคุณภาพลายพิมพ์พันธุกรรมที่ได้จากลายนิ่วมือแผงจำนวน 1 และ 4 รอยบนแผ่นกระดาษ การทำลายพิมพ์พันธุกรรมโดยการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรสจำนวน 28 และ 34 รอบ (เทคนิคปกติและ LCN technique)

ทำการตรวจสอบลายพิมพ์พันธุกรรมจากแปรปั๊ดผุ่นลายนิ่วมือแผงใหม่ ผงผุ่นคำแผ่นกระดาษก่อนนำมาใช้ในการวิจัย และทำลายพิมพ์พันธุกรรมอ้างอิงจากเซลล์เยื่อบุข้างแก้มของผู้วิจัยและอาสาสมัครทั้งสองคนสำหรับใช้ในการเปรียบเทียบ

สำหรับการตรวจสอบการถ่ายโอน (transfer) และการคงอยู่ (persistence) ของวัตถุทางชีวภาพบนแปรปั๊ดผุ่นลายนิ่วมือแผงการเก็บตัวอย่างลูกแบ่งออกเป็น 3 กลุ่ม คือ ก) นำแปรปั๊ดผุ่นลายนิ่วมือแผงมาปั๊ดบนแผ่นกระดาษที่สะอาด ข) นำแปรปั๊ดผุ่นลายนิ่วมือแผงมาปั๊ดทราบน้ำลายแห้งก่อนนำไปปั๊ดบนแผ่นกระดาษที่สะอาดหลังจากนั้นนำแปรปั๊ดและแผ่นกระดาษไปเก็บตัวอย่างตามวิธีที่กล่าวไว้ในข้อ 2 เพื่อวิเคราะห์ลายพิมพ์พันธุกรรมทำการทดสอบกลุ่มละ 5 ช้ำ (โดยใช้แปรป 5 แปรป) ภายใต้เงื่อนไขแบบ LCN

ผลการวิจัยและการอภิปรายผล

สารพันธุกรรมของลายนิ่วมือแผง 1 รอยและ 4 รอยบนแผ่นกระดาษ นำมาทำลายพิมพ์พันธุกรรมภายใต้เงื่อนไขแบบปกติและแบบ LCN ได้ผลการวิจัย (ตารางที่ 1) ออกมาว่า ไม่พบลายพิมพ์พันธุกรรมภายใต้เงื่อนไขปกติ (ปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรส 28 รอบ) แต่พบลายพิมพ์พันธุกรรมภายใต้

เงื่อนไขแบบ LCN โดยมี 2 half-loci ปรากฏขึ้นจากลายนิวเมือแฟง 1 รอย และมี 8 loci กับ 2 half-loci ปรากฏขึ้นจากลายนิวเมือแฟง 4 รอย โดยเมื่อเปรียบเทียบความสูงและพื้นที่ให้กราฟบริเวณจุดยอด (peak height และ peak area) จากรอยพิมพ์พันธุกรรมภายในได้เงื่อนไขแบบ LCN จะเห็นได้ว่า แบบลายนิวเมือแฟง 1 รอยมีความสูงและพื้นที่ให้กราฟบริเวณจุดยอดต่ำกว่าเดื่อนเอกสารคุณที่เป็นบวก (Positive control) ประมาณ 5 เท่าตัวนับแบบลายนิวเมือแฟง 4 รอย มีความสูงและพื้นที่ให้กราฟบริเวณจุดยอดต่ำกว่าเดื่อนเอกสารคุณที่เป็นบวกประมาณ 3 เท่า นั้นคือ คุณภาพของลายพิมพ์พันธุกรรมแปรผันโดยตรงกับพื้นที่ที่ถูกสัมผัสเข่นกันเมื่อเปรียบเทียบลายพิมพ์พันธุกรรมภายในได้ แตกต่างกับแบบ LCN ที่สามารถทำลายพิมพ์พันธุกรรมออกมากได้แม้มีลายนิวเมือแฟงเพียง 1 รอย ดังนั้นในการทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากลายนิวเมือแฟงควรใช้เทคนิคแบบ LCN ซึ่งให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าอย่างเห็นได้ชัด นอกจากนี้ยังพบอัลลีล 11 ในตำแหน่ง D5S818 จากลายนิวเมือแฟง 4 รอย ภายใต้เงื่อนไขแบบ LCN ซึ่งไม่ตรงกับลายพิมพ์พันธุกรรมของอาสาสมัครชาย แสดงให้เห็นถึงการปนเปื้อนของสารพันธุกรรมที่เกิดขึ้น ได้จากการทำการกิจตามปกติของอาสาสมัครชายนำไปสู่การศึกษาการถ่ายโอนและการคงอยู่ของวัตถุทางชีวภาพในส่วนต่อไป

ในการทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากแหล่งสารพันธุกรรมที่มีคุณภาพต้านนี้ Kloosterman and Kersbergen [Kloosterman, A.(2003)] แนะนำว่าควรใช้เทคนิค LCN เพราะการทำปฏิกริยาลูกโซ่ โพลีเมอร์เรส 34 รอบ สามารถเพิ่มจำนวนของ STR ได้ไม่เกิน 64 เท่า เมื่อเปรียบเทียบกับปฏิกริยาลูกโซ่ โพลีเมอร์เรส 28 รอบ อย่างไรก็ตามมีปัญหาเกิดขึ้นหลายอย่างในการอธิบายลายพิมพ์พันธุกรรมที่ได้เนื่องจากการทำปฏิกริยาลูกโซ่ โพลีเมอร์เรส 34 รอบ ย่อมเพิ่มจำนวน, ความสูง, และพื้นที่ ของจุดยอด แปลกลปลอม (spurious peak) ให้สูงขึ้นตามไปด้วย จึงเป็นการยากในการแยกแยะจุดยอดแท้จริงออกจากจุดยอดแปลกลปลอมดังกล่าว ในทำนองเดียวกันการแยกแยะจุดยอดแท้จริงออกจากจุดยอดที่เกิดจากการปนเปื้อนจึงทำได้ยากเข่นกัน Gill et al.[Gill, P.(2000)] จึงแนะนำให้ใช้ consensus profile ในการอธิบายผลในลักษณะนี้ โดยทำลายพิมพ์พันธุกรรมตั้งแต่ขั้นตอนการทำปฏิกริยาลูกโซ่ โพลีเมอร์เรส 3 รอบ แล้วตรวจสอบอัลลีลที่ปรากฏมากกว่า 1 ครั้ง เรียกออกมานี้เป็น consensus profile วิธีการของ Gill เป็นที่ยอมรับและน่าเชื่อถือในการทำลายพิมพ์พันธุกรรมภายในได้เงื่อนไขแบบ LCN และถูกนำมาใช้ในงานวิจัยนี้ เช่นกัน นอกจากนี้จำนวนรอบของปฏิกริยาลูกโซ่ โพลีเมอร์เรสไม่ควรเกิน 34 รอบ เนื่องจากอาจเสื่อม

Taq polymerase ที่เป็นสารสำคัญในขั้นตอนปฏิกริยาลูกโซ่โพลีเมอร์สมัยเลื่อมสภาพเมื่อผ่านปฏิกริยาหลายรอบ ทำให้การทำปฏิกริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรสเกินกว่า 34 รอบนั้นไม่เกิดประโยชน์

การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างลักษณะของแหล่งสารพันธุกรรมกับความสามารถในการถ่ายโอนของแหล่งสารพันธุกรรมจากแบ่งปั๊คฝุ่นลายนิ่วมือแฟง 5 แบ่งโดยการนำแบ่งปั๊คฝุ่นลายนิ่วมือแฟงปั๊คผ่านหยดน้ำลายสดหรือคราบน้ำลายแห้งแล้วแต่กรณีก่อนนำไปปัดบนแผ่นกระจกที่สะอาดแล้วจึงเก็บตัวอย่างจากบนแบ่งและแผ่นกระจกดังกล่าวเพื่อทำลายพิมพ์พันธุกรรมภายใต้เงื่อนไขแบบ LCN จึงสรุปผล consensus profiles ได้ตามตารางที่ 2 แสดงให้เห็นว่า ไม่พบลายพิมพ์พันธุกรรมที่สมบูรณ์ (Full DNA profile) จากกรณีได้โดยเมื่อพิจารณาที่บนแบ่งปั๊คฝุ่นลายนิ่วมือแฟง จากการนำแบ่งไปปั๊คผ่านหยดน้ำลายสดได้ลายพิมพ์พันธุกรรมที่มีอัลลีลซึ่งเข้ากันได้กับอาสาสมัครหญิงจำนวน 11 – 15 loci เป็นจำนวน 3 แบ่ง 1 – 5 loci เป็นจำนวน 1 แบ่ง และไม่พบอัลลีลใดเป็นจำนวน 1 แบ่ง ส่วนการนำแบ่งไปปั๊คผ่านคราบน้ำลายแห้งได้ลายพิมพ์พันธุกรรมที่มีอัลลีลซึ่งเข้ากันได้กับอาสาสมัครหญิงจำนวน 6 – 10 loci เป็นจำนวน 1 แบ่ง และไม่พบอัลลีลใดเป็นจำนวนถึง 4 แบ่งนั้นคือหยดน้ำลายสดนั้นติดบนบนแบ่งปั๊คฝุ่นลายนิ่วมือแฟงได้ดีกว่าคราบน้ำลายแห้ง และแสดงให้เห็นว่าวัตถุทางชีวภาพสามารถสะสัมภ์คงอยู่บนบนแบ่งปั๊คฝุ่นลายนิ่วมือแฟงได้

ในส่วนของการถ่ายโอนของแหล่งสารพันธุกรรมพิจารณาได้จากแผ่นกระจกที่ถูกปัดด้วยแบ่งปั๊คฝุ่นลายนิ่วมือแฟง (ตารางที่ 2) โดยแผ่นกระจกที่ถูกปัดด้วยแบ่งที่ปั๊คผ่านหยดน้ำลายสดได้ลายพิมพ์พันธุกรรมที่มีอัลลีลซึ่งเข้ากันได้กับอาสาสมัครหญิงจำนวน 11 – 15 loci จากทุกแบ่ง ส่วนแผ่นกระจกที่ถูกปัดด้วยแบ่งที่ปั๊คผ่านคราบน้ำลายแห้งนั้นกลับไม่พบอัลลีลใดนั้นคือหยดน้ำลายสดถูกถ่ายโอนไปยังแผ่นกระจกผ่านทางแบ่งปั๊คฝุ่นลายนิ่วมือแฟงได้ดี ส่วนคราบน้ำลายแห้งอาจถูกถ่ายโอนไปยังแผ่นกระจกผ่านทางแบ่งปั๊คฝุ่นลายนิ่วมือแฟงได้เช่นกันแต่เป็นปริมาณที่น้อยมากจนไม่สามารถทำลายพิมพ์พันธุกรรมได้ อย่างไรก็ตามผลการวิจัยในส่วนนี้แสดงให้เห็นว่าวัตถุทางชีวภาพสามารถถูกถ่ายโอนผ่านทางแบ่งปั๊คฝุ่นลายนิ่วมือแฟงได้ดังนั้นการนำแบ่งที่ผ่านการใช้งานแล้วไปใช้ต่อจึงมีโอกาสที่จะเกิดการปนเปื้อนจากการสะสัมภ์วัตถุทางชีวภาพบนบนแบ่ง และถ่ายโอนจากบนแบ่งลงสู่พื้นผิวขณะทำการปัดได้ โดยจำนวนอัลลีลที่เกิดจากการปนเปื้อนนี้จะมากหรือน้อยขึ้นกับลักษณะของวัตถุทางชีวภาพและระยะเวลาที่บนแบ่งไปสัมผัส รวมถึงความถี่ในการใช้งานด้วย

เมื่อพิจารณาถึงวิธีการแก้ปัญหารื่องการสะสัมภ์และการถ่ายโอนวัตถุทางชีวภาพผ่านทางแบ่งปั๊คฝุ่นลายนิ่วมือแฟงการใช้วัสดุอุปกรณ์ใหม่จะช่วยลดการปรากฏของอัลลีลที่เกิดจากการปนเปื้อน

ได้หรือไม่ ผลการวิจัยในการทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากผู้ป่วยที่มีประวัติเป็นผู้ป่วยในช่วงเดียวกันนี้ ไม่มีอัลลีล์ใดปรากฏอยู่ แต่แปรรูปใหม่จำนวน 5 แปรรูปจากทั้งหมด 10 แปรรูปกลับพบอัลลีล์ 1 – 2 อัลลีล์ (ตารางที่ 3) ซึ่งให้เห็นว่ากระบวนการผลิตแปรรูปดังกล่าวไม่ได้อยู่ภายใต้สภาวะปลอดภัยในการป้องกันด้วยสารพันธุกรรมดังนั้นการใช้วัสดุอุปกรณ์ใหม่จึงไม่ใช้วิธีการที่ดีในการลดการปราบภัยของอัลลีล์ที่เกิดจากการปนเปื้อนจากแหล่งอื่น

ตารางที่ 1 ลายพิมพ์พันธุกรรมของลายนิ้วมือแห้ง 1 รอยและ 4 รอยบนแผ่นกระดาษ นำมาทำลายพิมพ์พันธุกรรม ภายใต้เงื่อนไขแบบปกติและแบบ LCN (ปฏิกริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรส 28 และ 34 รอบ)

เครื่องหมาย โนเมเลกุล	ลายพิมพ์พันธุกรรม					
	อาสาสมัคร	ลายนิ้วมือแห้ง 1 รอย		ลายนิ้วมือแห้ง 4 รอย		ดีเอ็นเอความคุ้ม ที่เป็นมาก
		28 รอบ	34 รอบ	28 รอบ	34 รอบ	
D8S1179	11,12	NR	NR	NR	11,12	11,13
D21S11	29,32.2	NR	29,-	NR	-,32.2	29,30
D7S820	10,12	NR	NR	NR	10,-	10,12
CSF1PO	11,12	NR	NR	NR	NR	12,12
D3S1358	15,16	NR	NR	NR	15,16	16,17
TH01	9,9	NR	NR	NR	9,9	8,10
D13S317	9,9	NR	NR	NR	9,9	12,13
D16S539	11,12	NR	NR	NR	NR	11,12
D2S1338	19,19	NR	NR	NR	NR	22,25
D19S433	13,13.2	NR	NR	NR	13,13.2	14,16
vWA	18,19	NR	NR	NR	18,19	14,17
TPOX	11,11	NR	NR	NR	NR	8,11
D18S51	11,15	NR	NR	NR	NR	11,17
D5S818	7,10	NR	NR	NR	10,11	11,11
FGA	23,24	NR	NR	NR	NR	21,25
Amel	X,Y	NR	-,Y	NR	X,Y	X,X
จำนวนตำแหน่ง ที่พบร (16)	16	0	2 half loci	0	8 loci + 2 half loci	16

NR หมายถึง ไม่มีอัลลีล์ที่ตำแหน่งนั้น

ตารางที่ 2 เปรียบเทียบลายพิมพ์พันธุกรรมที่ได้จากแปรงปั๊ฟุ่นลายนิ่วมือแฟงปั๊ฟผ่านหดน้ำลายสัดก่อนปัดบนแผ่นกระดาษจำนวน 5 แปรง และแปรงปั๊ฟุ่นลายนิ่วมือแฟงปั๊ฟผ่านคราบน้ำลายแห้งก่อนปัดบนแผ่นกระดาษจำนวน 5 แปรง

ลายพิมพ์พันธุกรรม ที่ได้จาก	ชนิด น้ำลาย	จำนวนแปรงปั๊ฟุ่นลายนิ่วมือแฟงແບ່ງຄາມจำนวนຕຳແຫ່ນທີ່ມີອັລືລົບປະກູງ				
		จำนวนຕຳແຫ່ນເກົ່າງໝາຍໂມເລຄຸດທີ່ຕ່ວງພົບ				
		0 loci	1-5 loci	6-10 loci	11-15 loci	16 loci
พื้นผิวกระดาษหลัง การปัดด้วยแปรง	สด	0	0	0	5	0
	แห้ง	5	0	0	0	0
พื้นผิวนและ ฟุ่นลายนิ่วมือแฟง	สด	1	1	0	3	0
	แห้ง	4	0	1	0	0

ตารางที่ 3 ลายพิมพ์พันธุกรรมของแปรงปั๊ฟุ่นลายนิ่วมือแฟงใหม่ (ภายใต้เงื่อนไขแบบปกติ)

ເຄື່ອງໝາຍ ໂມເລຄຸດ	ໝາຍເລຂະແປງ									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
D8S1179	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR
D21S11	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR
D7S820	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR
CSF1PO	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR
D3S1358	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR
TH01	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR
D13S317	NR	NR	9	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR
D16S539	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR
D2S1338	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR
D19S433	NR	NR	NR	15.2	13.2	NR	16	NR	NR	NR
vWA	NR	NR	NR	15	NR	NR	NR	NR	NR	NR
TPOX	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR
D18S51	NR	NR	NR	NR	17	17	NR	NR	NR	NR
Amelogenin	NR	NR	NR	NR	NR	Y	Y	NR	NR	NR
D5S818	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR	NR

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

ในการทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากวัตถุพยานประเภทลายนิ่วมีควรใช้เทคนิคแบบ LCN (ปฏิกริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรส 34 รอบ) เนื่องจากวัตถุพยานประเภทลายนิ่วมีเป็นแหล่งสารพันธุกรรมที่มีคุณภาพดีและยากที่จะทำลายพิมพ์พันธุกรรมโดยใช้เทคนิคแบบปกติได้ (ปฏิกริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรส 28 รอบ) และควรขอใบอนุญาตในรูปแบบ consensus profile (อัลลีลที่ปรากฏขึ้นมากกว่า 1 ครั้งจากการทำช้ำ 3 ครั้ง) ซึ่งเป็นวิธีการอันเป็นที่ยอมรับและเชื่อถือได้ในการแยกแยะ จุดยอดแท้จริงออกจากจุดยอดปลอม (spurious peak) ที่เพิ่มขึ้นจากการทำปฏิกริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรส 34 รอบ

นอกจากนี้สิ่งที่ต้องพิจารณาเมื่อทำลายพิมพ์พันธุกรรมจากวัตถุพยานประเภทลายนิ่วมีอีกคือ การปนเปื้อนที่เกิดจากแปรปนฝุ่นลายนิ่วมีแฟง จากการวิจัยนี้แสดงให้เห็นว่า วัตถุทางชีวภาพสามารถสะสมคงอยู่และถ่ายโอนไปยังวัตถุอื่นผ่านทางแปรปนฝุ่นลายนิ่วมีแฟงได้โดยเฉพาะอย่างยิ่งกับวัตถุทางชีวภาพที่เป็นของเหลว ดังนั้นจึงควรระมัดระวังในการใช้งานรวมถึงการนำแปรปนที่ผ่านการใช้งานแล้วไปใช้ต่อ เนื่องจากมีโอกาสที่วัตถุทางชีวภาพจากสถานที่เกิดเหตุก่อนหน้าจะไปปนเปื้อนกับสถานที่เกิดเหตุ อีกที่หนึ่ง ได้ส่วนการใช้แปรปนฝุ่นลายนิ่วมีแฟงอันใหม่เสมอหนึ่งย้อมมิค่าใช้จ่ายสูงและผลการวิจัยนี้ชี้ให้เห็นว่ามีโอกาสที่จะพบอัลลิลซึ่งปนเปื้อนจากแปรปนใหม่ได้

จากปัญหารื่องการปนเปื้อนนี้จึงนำไปสู่การวิจัยรื่องการกำจัดการปนเปื้อนที่เกิดจากแบ่งปันฝันลายน้ำมือแฟรงในอนาคตต่อไป

รายการอ้างอิง

- Alessandrini, F., Cecati, M., Pesaresi, M., Turchi, C., Carle, F., & Tagliabracci, A. (2003). "Fingerprints as Evidence for a Genetic Profile: Morphological Study on Fingerprints and Analysis of Exogenous and Individual Factors Affecting DNA Typing." **Journal of Forensic Sciences**, 48(3).

AmpFlSTR® Identifier® PCR Amplification Kit User's Manual. (2006). Applied Biosystems.

Bender, K., Farfán, M., amp, x, a, J., & Schneider, P. M. (2004). "Preparation of degraded human DNA under controlled conditions." **Forensic Science International**, 139(2–3), 135-140. doi: 10.1016/j.forsciint.2003.10.003

- Budowle, B., Hobson, D. L., Smerick, J. B., & Smith, J. A. L. (2001). "Low copy number – consideration and caution." **Proceedings of the Twelfth International Symposium on Human Identification**; 2001; Madison, Wisconsin: Promega Corporation.
- Duangshatome, W. (2011). "DNA Recovery from Black Electrical Tapes." Master degree Forensic Science, Mahidol University, Bangkok.
- Gill, P., Whitaker, J., Flaxman, C., Brown, N., & Buckleton, J. (2000). "An investigation of the rigor of interpretation rules for STRs derived from less than 100 pg of DNA." **Forensic Sci Int**, 112(1), 17-40.
- ISFG.org. (2012 Mar 15). "International Society for Forensic Genetics". Available from <http://www.isfg.org>
- Kanable, R. (2005). "DNA From Fingerprints." **Law Enforcement Technology**, 32(7), 66,68-72,74.
- Kloosterman, A. D., & Kersbergen, P. (2003). "Efficacy and limits of genotyping low copy number (LCN) DNA samples by multiplex PCR of STR loci." **J Soc Biol**, 197(4), 351-359.
- NanoDrop 1000 Spectrophotometer V3.7 User's Manual. (2008). Thermo Fisher Scientific Inc.
- Proff, C., Schmitt, C., Schneider, P. M., Foerster, G., & Rothschild, M. A. (2006). "Experiments on the DNA contamination risk via latent fingerprint brushes." **International Congress Series**, 1288(0), 601-603. doi: 10.1016/j.ics.2005.10.053
- Van Oorschot, R. A., Treadwell, S., Beaurepaire, J., Holding, N. L., & Mitchell, R. J. (2005). "Beware of the possibility of fingerprinting techniques transferring DNA." **J Forensic Sci**, 50(6), 1417-1422.
- Van Oorschot, R. A. H., & Jones, M. K. (1997). "DNA fingerprints from fingerprints." **Nature © Macmillan Publishers Ltd**, 387, 767.
- Wizard® SV Genomic DNA Purification System Manual. (2009). Promega Corporation.