

FREQUENTLY THE ALIEN OF 15 GENE IDENTIFIER SYSTEMS FROM CHINESE PEOPLE IN SOUTHERN PROVINCES

Lê Xuân Trường*, Trần Tú Quyên**

ABSTRACT

Background: Database of frequency the alien of 15 gene Identifier systems of Chinese people in the southern provinces has never been explored before, but has profound implications for science and practice.

Object and Method: collecting random blood samples from 100 individual Chinese people living in Ho Chi Minh City and 7 provinces in Southern Vietnam including Binh Duong, Tay Ninh, Dong Nai, An Giang, Kien Giang, Soc Trang, Bac Lieu. All collected blood samples were stored at - 20°C. Conducted a genetic analysis according to the assessment process has been standardized (TCVN-AN 2013) of the Criminal Science Institute. Genomic DNA was extracted from blood samples using Chelex 5% method.

Results: from 100 genotypes of 100 Chinese people (guaranteed random representation, complying with the conditions of population genetics law) have found 11 rare alleles not in the international standard scale system. There are 06 rare and possibly alleles that are unique to the United States that are not found in other populations, such as the 11.1 alleles (D7S820 locus), 15.3 alleles (D19S433 locus), 29.3 alleles; 31.3; 32.3 and 33.3 (D21S11 locus). Of the 15 loci of the genes examined, the D21S11 locus also had the highest individual tracing value (high polymorphism with the number of alleles of 18). These alleles are traits of individual traceability and affirmation such as blood relationship.

Conclusion: Frequency of alleles is significant in screening, crime tracking orientation

Keywords: Chinese people, Multiply the gene, rare alien, characteristic alien.

TẦN SUẤT CÁC ALLEN CỦA 15 GENE HỆ IDENTIFIER TỪ QUẦN THỂ NGƯỜI HOA Ở CÁC TỈNH PHÍA NAM

Lê Xuân Trường*, Trần Tú Quyên**

TÓM TẮT

Mở đầu: Cơ sở dữ liệu tần suất các alen của 15 gen hệ Identifier từ quần thể người Hoa ở các tỉnh phía Nam chưa từng được khảo sát trước đây, nhưng có ý nghĩa sâu sắc trong khoa học cũng như thực tiễn.

Đối tượng- phương pháp nghiên cứu: thu thập ngẫu nhiên mẫu máu của 100 cá thể người Hoa sống ở thành phố Hồ Chí Minh và 7 tỉnh miền Nam Việt Nam gồm: Bình Dương, Tây Ninh, Đồng Nai, An Giang, Kiên Giang, Sóc Trăng, Bạc Liêu không có quan hệ huyết thống. Toàn bộ mẫu máu thu thập được bảo quản ở -20°C. Tiến hành phân tích gen theo Quy trình giám định đã được chuẩn hóa (TCVN-AN năm 2013) của Viện khoa học hình sự. ADN được tách chiết theo phương pháp vô cơ, sử dụng Chelex 5%.

Kết quả: từ 100 kiểu gen của 100 cá thể người Trung Quốc (đảm bảo đại diện ngẫu nhiên, tuân thủ các điều kiện của luật di truyền dân số) đã phát hiện được 11 alen hiếm, không có trong hệ thống thang chuẩn quốc tế. Có 06 alen hiếm vừa có thể là alen đặc trưng chỉ có ở người Hoa mà không thấy có ở các quần thể người khác, đó là các alen 11.1 (locus gen D7S820), alen 15.3 (locus gen D19S433), các alen 29.3; 31.3; 32.3 và 33.3 (locus D21S11). Trong 15 locus gen được khảo sát thì locus D21S11 cũng có giá trị truy nguyên cá thể cao nhất (tính đa hình cao với số loại alen là 18). Những alen này là những đặc điểm có khả năng truy nguyên cá thể và xác định quan hệ huyết thống cha-mẹ-con.

Kết luận: tần suất các alen có ý nghĩa trong sàng lọc, định hướng truy tìm tội phạm.

Từ khóa: Quần thể người Hoa, Nhân bội gen, Alen hiếm, Alen đặc trưng

ĐẶT VẤN ĐỀ

Giám định gen là ứng dụng kỹ thuật, công nghệ hiện đại của sinh học phân tử nhằm phân tích các đặc điểm của dấu vết mẫu vật hay cá thể người dựa trên nền tảng của giám định sinh học. Giám định gen phân tích các đặc điểm của dấu vết, mẫu vật và cá thể người ở mức độ phân tử. Trong giám định gen, phân tử cần nghiên cứu, phân tích chính là ADN (Axit Deoxyribo Nucleic), một thành phần quan trọng trong cấu tạo của nhiễm sắc thể (NST), ADN là vật liệu mang thông tin di truyền đóng vai trò quyết định trong việc di truyền các đặc điểm từ thế hệ này đến thế hệ khác của cơ thể sống⁽¹⁰⁾. Có nhiều phương pháp được sử dụng để xác định cá thể người: nhận biết qua vân tay, tiếng nói, nhận biết các yếu tố di truyền như: xác định các nhóm kháng nguyên hồng cầu (nhóm máu), xác định một số yếu tố protein trong huyết thanh, xác định một số enzym, nhưng khả năng phân biệt còn thấp. Phải đến những năm cuối thế kỷ 20, đặc biệt là thập kỷ 80, 90 các nhà khoa học hình sự mới ứng dụng công nghệ gen (DNA- Technology) vào trong xác định tội phạm. Vấn đề đặt ra là độ tin cậy của phân tích ADN. Trong giám định ADN, để xác định (truy nguyên) một cá thể đòi hỏi bắt buộc phải tính xác suất một người ngẫu nhiên trong quần thể có cấu trúc di truyền trùng lặp với ADN của mẫu vật cần giám định hay không. Để tính toán được xác suất này thì phải có dữ liệu tần suất của từng alen^(4, 10), với xác suất tính được càng lớn thì độ tin cậy trong giám định càng cao. Theo lý thuyết di truyền học, mỗi một quần thể khác nhau có những đặc điểm di truyền đặc trưng, thể hiện bằng sự phân bố tần suất alen trong mỗi quần thể là khác nhau và không thể áp dụng cơ sở dữ liệu của quần thể này cho quần thể khác. Tần suất alen được xác định bằng nghiên cứu, khảo sát một hoặc nhiều gen ở một quần thể người nhất định thông qua việc thu thập mẫu của những người cùng trong quần thể người đó ở nhiều vùng địa lý khác nhau và không có quan hệ họ hàng huyết thống. Số lượng các mẫu cần phân tích phải đủ lớn để bảo đảm được độ tin cậy, có nghĩa là kết quả phân tích thống kê tần số alen và kiểu gen phải phù hợp giữa mẫu nghiên cứu và quần thể lý thuyết^(4, 5). Tần suất này có giá trị để xác định độ tin cậy trong truy nguyên cá thể và xác định quan hệ huyết thống. Hiện nay, Phân viện khoa học hình sự tại thành phố Hồ Chí Minh cũng như lực lượng kỹ thuật hình sự cả nước đang sử dụng bộ kit Identifiler của hãng Applied Biosystem trong giám định AND (Kit Identifiler gồm 15 gen trên NST thường và một gen trên NST giới tính). Do đó, các nghiên cứu được thực hiện đều tiến hành khảo sát các alen của 15 gen trên NST thường. Người Hoa ở Việt Nam cư trú tại 63 tỉnh, thành phố.

* Khoa Y, Đại học Tân Tạo, ** Viện Khoa học Hình sự - Bộ Công an

Tác giả liên lạc: PGS.TS.BS.Lê Xuân Trường.

ĐT: 01269872057

Email: truong.le@ttu.edu.vn

Theo Tổng điều tra dân số và nhà ở năm 2009 (dữ liệu mới nhất 2016 chưa được công bố), người Hoa ở Việt Nam có dân số 823.071 người, cư trú tập trung tại Thành phố Hồ Chí Minh, và rải rác ở các tỉnh phía Nam⁽³⁾. Những địa bàn này đều là những điểm nóng về tình hình an ninh và trật tự an toàn xã hội. Việc tiến hành nghiên cứu: “*Khảo sát và xây dựng cơ sở dữ liệu tần suất các alen của 15 gen hệ Identifiler từ quần thể người Hoa ở các tỉnh phía Nam*” là một yêu cầu cấp thiết để đảm bảo tính chính xác và khách quan trong kết luận giám định ADN những vụ việc có liên quan đến người Hoa, dữ liệu của được trích xuất từ một nhánh nghiên cứu của Đề tài khoa học cấp Bộ. Dữ liệu của đề tài là cơ sở vững chắc để phân tích, đánh giá và kết luận giám định, có ý nghĩa cao kể cả về khoa học và thực tiễn.

ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Thiết kế nghiên cứu: cắt ngang, mô tả.

Dân số nghiên cứu: Tất cả công dân là người Hoa cư trú tại địa bàn thành phố Hồ Chí Minh và các tỉnh phía Nam, có cha mẹ cũng là người Hoa và các mẫu không có quan hệ huyết thống với nhau.

Cỡ mẫu

$$n = \frac{Z_{1-\alpha/2}^2 p(1-p)}{d^2}$$

Trong đó:

n: Cỡ mẫu nghiên cứu cần có

$Z_{1-\alpha/2}$: Trị số từ phân phối chuẩn phản ánh sai lầm loại I

α : Mức ý nghĩa thống kê. Chọn $\alpha = 0,05$ thì $Z_{1-\alpha/2} = 1,96$

P = Tỷ lệ chọn 0,5 để cho cỡ mẫu lớn nhất.

d: Độ chính xác (hay là sai số cho phép). Chọn $d = 0,1$ (do thời gian lấy mẫu và kinh phí).

Thay các giá trị vào công thức trên ta được $n = 96$

Vậy nghiên cứu này cần khảo sát trên 96 công dân đến giám định ADN tại Phân viện Khoa học hình sự. Lấy tròn là 100 mẫu.

Tiêu chí đưa vào

Đối tượng tham gia là những công dân đến làm hồ sơ ADN có làm xét nghiệm 15 gen theo hệ Identifiler, có cha và mẹ đều là người Hoa, có khả năng đọc hiểu tiếng Việt và tình nguyện tham gia nghiên cứu.

Tiêu chí loại ra

- Những người có cha hoặc mẹ không phải là người Hoa.
- Sức khỏe thể chất và tinh thần không đảm bảo để có thể tiến hành trả lời các câu hỏi trong nghiên cứu.

Phương pháp chọn mẫu

Ngẫu nhiên hệ thống theo các bước tiến hành như sau: nghiên cứu viên và cộng sự có mặt tại địa điểm nghiên cứu trong thời gian nghiên cứu diễn ra. Trong những công dân đến làm hồ sơ ADN có làm xét nghiệm 15 gene theo hệ Identifiler sẽ được mời tham gia nghiên cứu. Đối tượng được cung cấp một số thông tin cơ bản về nghiên cứu và việc tham gia vào nghiên cứu được thể hiện thông qua bản đồng ý tham gia nghiên cứu.

Phương pháp thu thập số liệu

Cách thu thập số liệu

Đối tượng công dân đến làm hồ sơ ADN có làm xét nghiệm 15 gen theo hệ Identifiler và thỏa tiêu chí chọn mẫu, sau khi được cung cấp đầy đủ thông tin về nghiên cứu sẽ được nghiên cứu viên phỏng vấn trực tiếp về các thông tin và ghi nhận vào phiếu câu hỏi đã được soạn sẵn.

Công cụ thu thập

Công cụ thu thập số liệu là một bộ câu hỏi soạn sẵn thu thập thông tin về các đặc điểm về dân số xã hội, thông tin về gia đình (di truyền học) và thông tin cá nhân của công dân (tuổi, giới).

Trong đó chú trọng:

- Quan sát hình thái học (người dân tộc Hoa có các đặc điểm nhân chủng học đặc trưng).
- Kiểm tra giấy tờ tùy thân (chứng minh thư nhân dân, giấy khai sinh, thẻ căn cước, hộ chiếu...).
- Hỏi trực tiếp người được thu thập mẫu.
- Dùng kim chích máu đầu ngón tay và thấm trực tiếp vào giấy FTA.
- Mẫu thu phải đảm bảo chất lượng, không bị lẫn, nhiễm, để khô tự nhiên, đóng gói riêng rẽ, ghi ký hiệu cho từng mẫu

Phân tích số liệu

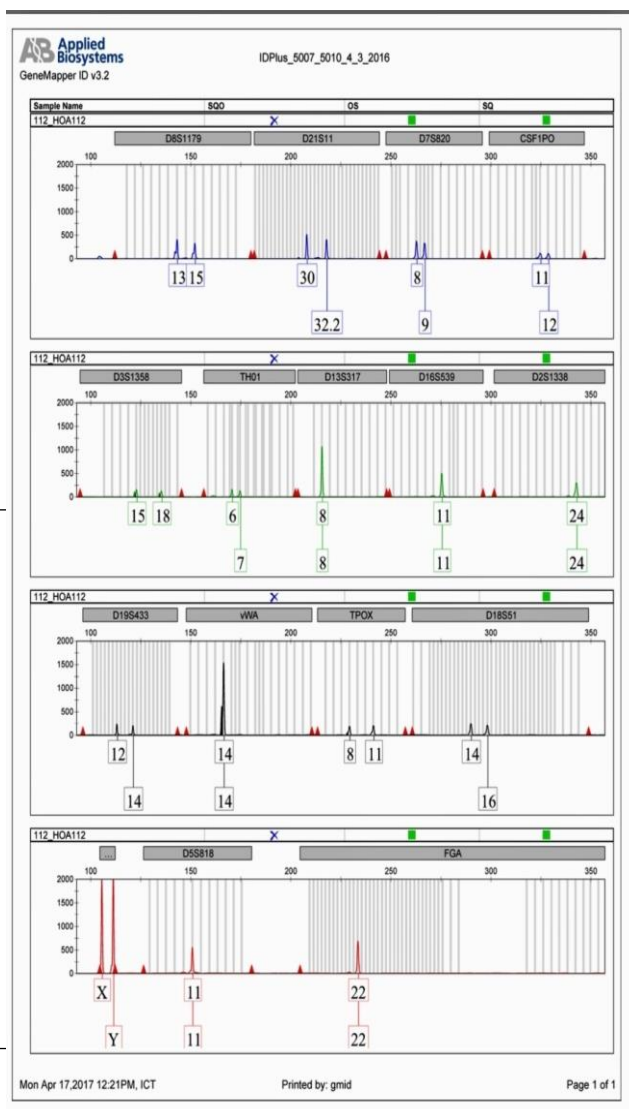
Để số liệu nghiên cứu về các locus gen sử dụng được cho những ứng dụng cụ thể, điều cần thiết đầu tiên là cần đánh giá xem mẫu nghiên cứu với locus gen được phân tích có đảm bảo rằng cấu trúc di truyền của mẫu (tần số tương đối của các alen và tần số các kiểu gen) là ổn định hay không qua các thế hệ, nghĩa là mẫu có tuân theo định luật Hardy - Weinberg hay không⁽¹⁰⁾. Cần kiểm tra sự phù hợp giữa mẫu với quần thể cân bằng lý thuyết thông qua đánh giá chênh

lệch giữa tần số quan sát thực tế với phân bố lý thuyết của các kiểu gen của mỗi locus gen được nghiên cứu có sai khác nhau hay không⁽²⁾.

Kiểm định sự phù hợp phân bố tần số kiểu gen giữa mẫu khảo sát và quần thể lý thuyết dựa vào tiêu chuẩn chi bình phương χ^2 (8, 9). Việc tính toán tần suất và các chỉ số được thực hiện bằng phần mềm Microsoft Excel, gồm: HWE (kiểm tra sự phù hợp với định luật Hardy - Weinberg), Hobs (dị hợp tử quan sát), Hexp (dị hợp tử mong đợi), chỉ số MP (khả năng trùng lặp), chỉ số PD (khả năng phân biệt), chỉ số PIC (mức độ đa hình của một locus gen), chỉ số PE (khả năng loại trừ), và FEB (xác suất không bao gồm quan hệ dòng Y). Các chỉ số này giúp đánh giá tính đa hình các alen của quần thể đó đồng thời xác định tần suất thu thập được đã có đủ độ tin cậy để sử dụng vào việc xác định cá thể hoặc xác định huyết thống cha, mẹ - con chưa.

KẾT QUẢ VÀ BÀN LUẬN

Thu ngẫu nhiên được 100 mẫu máu của 100 người Hoa trên thẻ thu mẫu FTA cùng với thông tin cá nhân của người được thu mẫu và bảo quản theo quy định tại phòng thí nghiệm AND của Phân viện Khoa học hình sự. Kết quả cho thấy 100 mẫu ADN được tách chiết từ 100 mẫu máu người Hoa đều đủ điều kiện để thực hiện các bước phân tích tiếp theo. Chúng tôi đã thực hiện 100 phản ứng Identifiler dựa trên định lượng (thành kỳ nhiệt theo nhà sản giải trình tự ADN kiểu gen bằng GenemaperID



PCR với bộ KIT nồng độ ADN đã được phản ứng và chu xuất, điện di trên máy ABI 3130 và phân tích phần mềm (v3.2).

Hình 1. Hình ảnh điện di điển hình trên máy điện di 3130 và một số hình ảnh kiểu gen cá thể người Hoa đại diện cho 100 cá thể đã được phân tích.

Sử dụng phương pháp và nội dung nghiên cứu ở trên, chúng tôi đã xây dựng được bảng tần suất alen và các chỉ số thống kê cho 15 gen trên NST thường trong quần thể người Hoa (N=100) tại thành phố Hồ Chí Minh và 7 tỉnh phía Nam. Tác giả Chakraborty R. (2006) 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⁽¹⁾. Do đó, kết quả trong nghiên cứu này của chúng tôi thực hiện khảo sát trên số lượng mẫu là 100 cá thể người Hoa không cùng quan hệ huyết thống, được lựa chọn một cách ngẫu nhiên từ quần thể người Hoa sống tại các tỉnh phía Nam Việt Nam là đảm bảo độ tin cậy và có ý nghĩa cho các tính toán phân tích thống kê quần thể phục vụ tốt cho công tác giám định ADN.

Việc tính toán tần suất và các chỉ số được thực hiện bằng phần mềm SPSS và Microsoft Excel, gồm: HWE (kiểm tra sự phù hợp với định luật Hardy - Weinberg), Hobs (dị hợp tử quan sát), Hexp (dị hợp tử mong đợi), chỉ số MP (khả năng trùng lặp), chỉ số PD (khả năng phân biệt), chỉ số PIC (mức độ đa hình của một gen), chỉ số PE (khả năng loại trừ), và FEB (xác suất không bao gồm quan hệ dòng Y). Các chỉ số này giúp đánh giá tính đa hình các alen của quần thể đó đồng thời xác định tần suất thu thập được đã có đủ độ tin cậy để sử dụng vào việc xác định cá thể hoặc xác định huyết thống cha - mẹ - con. Trong đó: MP (matching probability - khả năng trùng lặp) là xác suất ngẫu nhiên trong quần thể có kiểu gen giống nhau, tương ứng với từng gen. PD (power of discrimination- khả năng phân biệt): chỉ số cho ta biết khả năng phân biệt giữa 2 cá thể không liên quan được xác định về kiểu gen trong quần thể được nghiên cứu, chỉ số này càng gần giá trị 1 thì khả năng phân biệt càng cao. PE (power of exclusion-khả năng loại trừ). Kiểm định

sự phù hợp phân bố tần số kiểu gen giữa mẫu khảo sát và quần thể lý thuyết dựa vào tiêu chuẩn Chi bình phương χ^2 . So sánh giá trị khi bình phương tính được với χ_α cho thấy mẫu phù hợp với quần thể lý thuyết. Nghiên cứu đã phát hiện: 11 alen hiếm, không có trong hệ thống thang chuẩn quốc tế. Các alen đó là: ở gen D7 có 2 alen: 9.1, 11.1; ở gen D21 có 4 alen: 29.3, 31.3, 32.3, 33.3; ở gen D19 có alen 15.3; ở gen FGA: có 4 alen là 21.2, 22.2, 23.2, 24.2. Có 06 alen hiếm vừa có thể là alen đặc trưng chỉ có ở người Hoa mà không thấy có ở các quần thể người khác, đó là các alen 11.1 (locus gen D7S820), alen 15.3 (locus gen D19S433), các alen 29.3; 31.3; 32.3 và 33.3 (locus D21S11). Trong 15 locus gen được khảo sát thì locus D21S11 cũng có giá trị truy nguyên cá thể cao nhất (tính đa hình cao với số loại alen là 18 trong đó có 4 alen hiếm). Những alen này là những đặc điểm có khả năng truy nguyên cao để truy nguyên cá thể và xác định quan hệ huyết thống cha-mẹ-con. Điều này có ý nghĩa lớn để sàng lọc, định hướng truy tìm tội phạm. Ứng dụng cơ sở dữ liệu tần suất này trong giám định gen (ADN) của Viện Khoa học hình sự nói riêng và của lực lượng KTHS nói chung, kết quả thu được là chứng cứ vật chất truy nguyên chính xác cá thể và tăng độ tin cậy trong công tác giám định ADN.

Dựa vào các cơ sở dữ liệu tần suất đã được công bố gồm có: thang alen chuẩn quốc tế của 15 gen hệ Identifiler, bảng tần suất các alen 15 của gen hệ Identifiler người Thái lan đã công bố 2006, bảng tần suất các alen 15 của gen hệ Identifiler người Malaixia đã công bố 2008^(6, 11), bảng tần suất các alen 15 của gen hệ Identifiler người Kinh (Việt Nam) đã công bố năm 2012⁽⁸⁾. Chúng tôi quan sát được ở người Hoa có các alen hiếm không có trong thang alen chuẩn quốc tế. Một số alen quan sát được chỉ thấy xuất hiện ở người Hoa mà chưa thấy xuất hiện ở các quần thể khác, có thể là các alen đặc trưng cho quần thể người Hoa. Các khái niệm alen hiếm và alen đặc trưng được trình bày như sau :

- Alen hiếm là alen có thật, không nằm trong hệ thống thang chuẩn do quốc tế công bố.
- Alen đặc trưng: chỉ thấy xuất hiện ở người Hoa mà chưa thấy xuất hiện ở các quần thể người khác. Khi gặp được những mẫu cá thể phân tích có alen này, mẫu sẽ mang tính truy nguyên cao đối với người Hoa.

So sánh tần suất alen trong hệ Identifiler của người Hoa với người Việt (Kinh) ; người Thái lan và người Malaysia (15 gen từ gen D8S1179 đến FGA) nhận thấy : các alen từ 10 đến 17 xuất hiện ở cả người Hoa, Malaixia, người Việt (Kinh) và người Thái lan, trong đó alen 13 phổ biến ở người Hoa. Các alen 29.3; 31.3; 32.3; 33.3 chỉ xuất hiện ở người Hoa, chưa thấy xuất hiện ở người Malaysia, người Việt (Kinh) và người Thái lan, (có thể là các alen đặc trưng). Alen 9.1 xuất hiện ở người Hoa, người Việt (Kinh); chưa thấy xuất hiện ở người Thái Lan và người Malaysia. Alen 11.1 chỉ thấy xuất hiện ở người Hoa; Chưa thấy xuất hiện ở người Thái Lan, Malaysia, người Việt (Kinh), (có thể là alen đặc trưng). Alen 7 xuất hiện ở người Hoa, Malaysia, người Việt (Kinh), chưa thấy xuất hiện ở người Thái Lan. Alen 19 xuất hiện ở người Hoa, Thái

Lan, người Việt (Kinh), chưa thấy xuất hiện ở người Malaysia. Các alen từ 6 đến 10 của locus gen THO1 đều xuất hiện ở người Thái lan, Malaysia, người Việt (Kinh). Các alen từ 7 đến 14 của locus gen D13S317 đều xuất hiện ở người Thái Lan, Malaysia, người Việt (Kinh). Các alen từ 9 đến 14 đều xuất hiện ở người Hoa, người Việt (Kinh), người Malaysia và người Thái Lan. Các alen từ 16 đến 26 đều thấy xuất hiện ở người Hoa, người Việt (Kinh), người Malaixia và người Thái Lan. Alen 9.1 mới chỉ xuất hiện ở người Hoa; chưa thấy xuất hiện ở người Việt (Kinh), người Thái Lan, người Malaysia. Alen 18 xuất hiện ở người Hoa, người Việt (Kinh); chưa thấy xuất hiện ở người Malaixia, người Thái Lan. Alen 15.3 mới chỉ xuất hiện ở người Hoa; chưa thấy xuất hiện ở người Việt (Kinh), người Thái Lan, người Malaysia (có thể là alen đặc trưng). Các alen từ 14 đến 20 của locus gen D13S317 đều xuất hiện ở người Thái Lan, Malaysia, người Việt (Kinh). Alen 7 của locus gen D13S317 xuất hiện ở người Hoa, Malaysia, chưa thấy xuất hiện ở người Việt (Kinh) và người Thái lan. Alen 12 của locus gen D13S317 xuất hiện ở người Hoa, Malaysia, người Việt (Kinh) và người Thái Lan, chưa thấy xuất hiện ở người Malaysia. Alen 10 thấy xuất hiện ở người Hoa, Malaysia, chưa thấy xuất hiện ở người Thái Lan, người Việt (Kinh). Alen 23 thấy xuất hiện ở người Hoa, Thái Lan, người Việt (Kinh), chưa thấy xuất hiện ở người Malaysia. Alen 8 thấy xuất hiện ở người Hoa và người Malaxia, chưa thấy xuất hiện ở người Thái Lan và người Việt (Kinh). Alen 16 xuất hiện ở người Hoa, người Việt (Kinh), chưa thấy xuất hiện ở người Thái Lan, Malaysia.

KẾT LUẬN

Tần suất các alen của 15 gen hệ Identifiler từ 100 cá thể người Hoa thu được trong nghiên cứu đủ điều kiện dùng trong giám định ADN cho quần thể người Hoa. Trong phạm vi nghiên cứu của đề tài còn nhiều hạn chế, với số mẫu giới hạn trong 100 mẫu máu người Hoa (một nhánh của đề tài nghiên cứu cấp Bộ về khảo sát và xây dựng cơ sở dữ liệu tần suất các alen của 15 gen hệ Identifiler trong quần thể người Hoa), chúng tôi sẽ tiến hành nghiên cứu với số mẫu lớn hơn và hoàn thiện bảng tần suất này. Bổ sung vào Quy trình giám định ADN để tính xác suất trong các Kết luận giám định ADN của lực lượng Kỹ thuật hình sự và các tổ chức giám định khác trong các vụ việc liên quan đến người Hoa ở Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Chakraborty R (2006), "Sample size requirements for addressing the population genetic issues of forensic use of DNA typing", *Human Biology* 64: 141-159. *Forensic Science International* 158, p234 -237.
2. Gavazaj FQ, et al. (2012), "Optimization of DNA concentration to amplify short tandem repeats of human genomic DNA", *Bosn J Basic Med Sci*, 12(4): 236–239.

3. Hà Quốc Khanh (2000), "Điều tra và xây dựng cơ sở dữ liệu tần suất các gen hệ Nineplex người Việt (Kinh) ứng dụng trong giám định gen", Đề tài khoa học cấp Bộ, Bộ Công An-Phân viện Khoa học hình sự.
4. Hamilton MB (2009), "Population Genetics", *Elsevier Churchill livingstone*, 4th edition, chapter 5, p79-86.
5. He Y, et al. (2015): "Allele frequencies for fifteen autosomal STR loci in a Nakhi population from Yunnan Province, Southwest China", *Forensic Science International: Genetics*.
6. Huang Q, et al (2012), "Allele frequencies of 15 STRs in five ethnic groups (Han, Gelao, Jing, Shui and Zhuang) in South China", *Forensic Science International: Genetics*, Vol. 7, Issue 2, p31–p34.
7. John M. Butler (2012), "Advanced Topics in Forensic DNA typing", Thomson brooks/ Cole, 3rd edition, p123-134.
8. Lê Thị Thu Thủy (2012), "Khảo sát và xây dựng cơ sở dữ liệu tần suất các alen của 15 gene hệ Identifiler trong quần thể người Việt (Kinh) ứng dụng trong giám định gene (ADN) của lực lượng Kỹ thuật hình sự", Đề tài khoa học cấp Bộ, Bộ Công An-Phân viện Khoa học hình sự.
9. Phạm Ngọc Sơn (2016), "Khảo sát và xây dựng cơ sở dữ liệu tần suất các alen của 15 locus gen hệ Identifiler từ quần thể người dân tộc Khmer ứng dụng trong giám định ADN", Đề tài khoa học cấp Bộ, Bộ Công An-Phân viện Khoa học hình sự.
10. Viện Khoa học hình sự (2013), Tiêu chuẩn Quốc gia (TCVN-AN): Quy trình giám định KTHS và Pháp Y CAND, Ban hành kèm theo thông tư 46/2013/TT-BCA, tr47-52.
11. Xiao-ming X, Feng Z, Yao Jun (2016). "Population data of 15 autosomal STR loci in Chinese Han population from Jilin Province, Northeast China", *Forensic Science International: Genetics*, Vol. 27, p187–188.