

ข้อกำหนดการบันทึกความแตกต่างของลำดับเบส

ไมโตคอนเดรียบริเวณ control region เมื่อเปรียบเทียบกับสายอ้างอิง (rCRS)

สุคนธ์ ประดุงกาญจนา

หน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์

มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ หาดใหญ่ สงขลา 90110. E-mail address: mitojin@live.com

จากปัญหาการจัดเรียงลำดับเบสของสายไมโตคอนเดรียเปรียบเทียบกับสายไมโตคอนเดรียอ้างอิง (rCRS: revised Cambridge Reference Sequence) พบว่ามักเกิดปัญหาจากการแทรกหรือขาดหายไปของเบส ทำให้เกิดช่องว่าง ซึ่งห้องปฏิบัติการบางแห่งมีการจัดเรียงช่องว่างเหล่านี้แตกต่างกัน ทำให้บันทึกความแตกต่างของลำดับเบสจากสายอ้างอิงได้แตกต่างกัน ดังนั้น Wilson และคณะ¹⁻² จึงเสนอข้อกำหนดการจัดเรียงลำดับเบสของสายไมโตคอนเดรียเปรียบเทียบกับสายอ้างอิง เพื่อให้เป็นมาตรฐานเดียวกัน แต่ห้องปฏิบัติการสามารถบันทึกความแตกต่างจากสายอ้างอิงได้ถูกต้อง ตรงกัน

ข้อกำหนด

1. บันทึกความแตกต่างของลำดับเบสเมื่อเปรียบเทียบกับสายอ้างอิง ให้มีจำนวนน้อยที่สุด
2. ที่ตำแหน่งใดๆ หากพบว่าสามารถบันทึกความแตกต่างของลำดับเบสจากสายอ้างอิงได้มากกว่า 1 วิธี ให้จัดเรียงลำดับความสำคัญของการบันทึกความแตกต่างของลำดับเบส ดังนี้

2.1 การแทรก (insertion) หรือการขาดหาย (deletion) : Indels

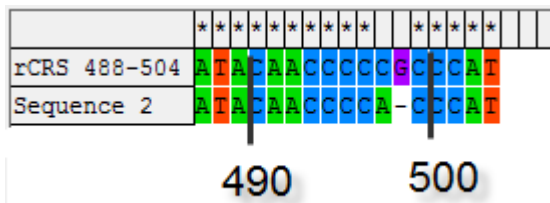
2.2 Transition หรือการเปลี่ยนแปลงจากเบส purine เป็น purine เช่น A ↔ G หรือเปลี่ยนแปลงจากเบส pyrimidine เป็น pyrimidine เช่น C ↔ T

2.3 Transversion หรือการเปลี่ยนแปลงจากเบส purine เป็น pyrimidine หรือ pyrimidine เป็น purine เช่น A ↔ T หรือ A ↔ C หรือ G ↔ C หรือ G ↔ T

3. การแทรกและการขาดหาย ต้องจัดเรียงตามทิศ 3' ของสาย light strand ให้มากที่สุด โดยจะต้องพิจารณาทั้งการแทรกและการขาดหายร่วมกัน เพื่อให้บันทึกจำนวนความแตกต่างจากสายอ้างอิงคงเดิมไว้

ข้อกำหนดดังกล่าวจะต้องดำเนินการเป็นลำดับขั้น เริ่มจากข้อ 1 มายังข้อ 2 และ ข้อ 3 ตามลำดับ เช่น ข้อจำกัดที่ 1 กำหนดว่าจะต้องบันทึกความแตกต่างจากสายอ้างอิงให้มีจำนวนน้อยที่สุด หากตัวอย่างตรวจรายใด

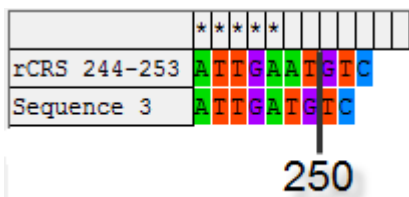
2B: เป็น transversion โดยเปลี่ยนจากเบส C → A และ การขาดหาย บันทึกลงเป็น 498A, 499D



พิจารณาตามข้อกำหนดที่ 2 การเรียงลำดับ transition มาก่อน transversion ดังนั้นจึงเลือกบันทึกตาม

แบบ 2A

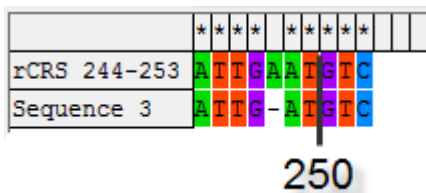
ตัวอย่างที่ 3



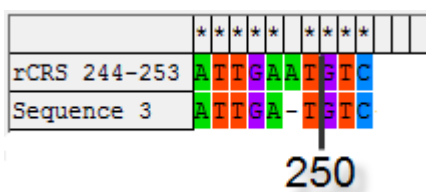
การบันทึก : 249D

คำอธิบาย : ตัวอย่างนี้อาจบันทึกได้ 2 แบบ ดังนี้

3A: เป็นการขาดหายที่ตำแหน่ง 248 บันทึกเป็น 248D



3B: เป็นการขาดหายที่ตำแหน่ง 249 บันทึกเป็น 249D



ทั้งสองแบบ เป็นการขาดหายเพียง 1 ตำแหน่งเหมือนกัน ดังนั้น ข้อกำหนดที่ 1 และ 2 จึงไม่สามารถใช้ได้ ต้องใช้ข้อกำหนดที่ 3 การขาดหายจะต้องจัดเรียงตามทิศ 3' ของสาย light strand ให้มากที่สุด ดังนั้นการบันทึกจึงเลือกรูปแบบที่ 3B คือ 249D

การจัดเรียงลำดับเบสตามข้อกำหนด 3 การแทรกหรือการขาดหายจะต้องมีการจัดเรียงด้านปลาย 3' ให้มากที่สุด ดังนั้นรูปแบบ 19B จึงเป็นรูปแบบที่เหมาะสมที่สุด

ตัวอย่างที่ 20

rCRS 561-576	A	A	A	G	A	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	A	C	A	
Sequence 20	A	A	A	G	A	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	A	C	A

570

การบันทึก : 573.1C, 573.2C, 573.3C, 573.4C, 573.5C, 573.6C

คำอธิบาย ตัวอย่างอาจบันทึกได้มากกว่า 2 แบบ แต่ขอยกตัวอย่างเพียง 2 แบบ ดังนี้

20A: หากพิจารณาว่าตำแหน่งที่ 576 เป็นตำแหน่งสิ้นสุดของสายอ้างอิง (HV3) ดังนั้นลำดับเบสตำแหน่งถัดไปจาก 576 จึงเป็นเบสที่ไม่ต้องสนใจ จะสามารถบันทึกได้เป็น 574C, 576C

rCRS 561-576	A	A	A	G	A	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	A	C	A	
Sequence 20	A	A	A	G	A	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	A	C	A

570

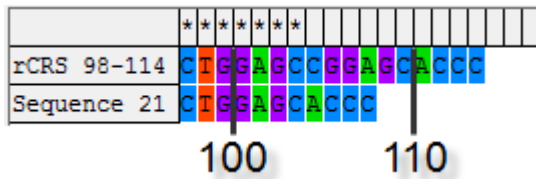
20B: แต่ถ้าพิจารณาว่าสายอ้างอิงเป็นสายยาวต่อเนื่องออกไปอีก (สายอ้างอิงยาว 16569 เบส) โดยจัดเรียงลำดับเบสตามข้อกำหนด 3 จะสามารถบันทึกได้เป็น 573.1C, 573.2C, 573.3C, 573.4C, 573.5C, 573.6C

	*****																				***	
rCRS 561-576	A	A	A	G	A	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	A	C	A	
Sequence 20	A	A	A	G	A	C	A	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	A	C	A

570

ความเป็นจริงแล้ว สายไมโตคอนเดรียมีความยาวรวม 16569 คู่เบส โดยมีส่วนของ control region เป็นเพียงส่วนหนึ่งของสายไมโตคอนเดรีย ปลายสายของ HV3 จึงไม่ใช่ตำแหน่งสิ้นสุดของสายไมโตคอนเดรียที่ใช้เปรียบเทียบกับสายอ้างอิง ดังนั้น รูปแบบ 20B จึงเป็นการจัดเรียงลำดับเบสเพื่อเปรียบเทียบกับสายอ้างอิงที่ถูกต้อง

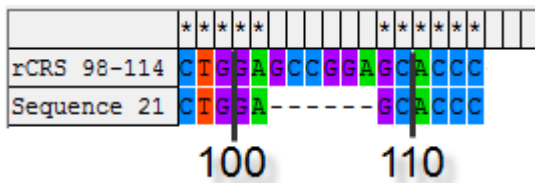
ตัวอย่างที่ 21



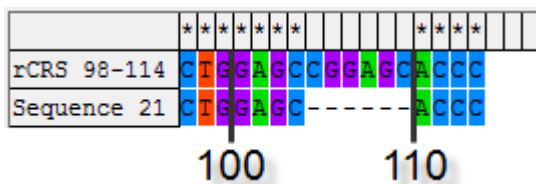
การบันทึก : 105D, 106D, 107D, 108D, 109D, 110D

คำอธิบาย ตัวอย่างอาจบันทึกได้มากกว่า 2 แบบ แต่ขอยกตัวอย่างเพียง 2 แบบ ดังนี้

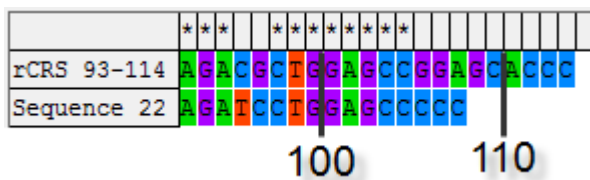
21A: ตำแหน่งขาดหายไป 6 เบสนี้สามารถจัดเรียงได้หลายรูปแบบ เนื่องจากเบส GGAG สามารถจัดเรียงได้ทั้งด้านซ้ายมือและขวามือ หรือจัดเรียงบางตำแหน่งอยู่ซ้ายมือบางตำแหน่งอยู่ขวามือก็ได้ บันทึกเป็น 103D, 104D, 105D, 106D, 107D, 108D



21B: หากพิจารณาจากข้อกำหนด 3 การแทรกหรือการขาดหายจะต้องมีการจัดเรียงด้านปลาย 3' ให้มากที่สุด ดังนั้นเบส GGAG จึงควรอยู่ชิดทางซ้ายมือ บันทึกได้เป็น 105D, 106D, 107D, 108D, 109D, 110D



ตัวอย่างที่ 22



การบันทึก : 95.1T, 97D, 106D, 107D, 108D, 109D, 110D, 111D

คำอธิบาย ตัวอย่างอาจบันทึกได้มากกว่า 2 แบบ แต่ขอยกตัวอย่างเพียง 2 แบบ ดังนี้

ตารางที่ 1 แสดงตัวอย่าง รูปแบบการจัดเรียงลำดับเบสที่ถูกต้อง และการบันทึกความแตกต่างจากสายอ้างอิง

ตัวอย่างที่	ตำแหน่ง rCRS	ตัวอย่างลำดับเบสและสายอ้างอิง	รูปแบบการจัดเรียงลำดับเบสที่ถูกต้อง	การบันทึกความแตกต่าง
1	488-504			499A
2	488-504			498D, 499A
3	244-253			249D
4	280-294			290D, 291D
5	508-529			524.1A, 524.2C
6	508-529			521D, 522D, 523D, 524D
7	508-529			513D, 514D
8	508-529			514T, 523D, 524D
9	16180-16198			16183C, 16189C, 16190.1T

10	16180-16198			16182C, 16183C, 16189C
11	16180-16198			16183C, 16189C, 16193.1C
12	16178-16198			16179T, 16182D, 16183D, 16193.1C
13	16180-16198			16186T, 16189D
14	16180-16198			16183C, 16188.1C, 16193.1C
15	16178-16198			16179T, 16183C, 16189C, 16190.1T
16	16180-16198			16183D, 16193.1C, 16193.2C
17	300-317			310D, 311D, 312D, 313D
18	300-317			309D, 315.1C

References:

1. Wilson MR, Allard MW, Monson K, Miller KWP, Budowle B. Recommendations for consistent treatment of length variants in the human mitochondrial DNA control region. *Forensic Science International* 2002; 129: 35-42.
2. Wilson MR, Allard MW, Monson KL, Miller KWP, Budowle B. Further discussion of the consistent treatment of length variants in the human mitochondrial DNA control region. *Forensic Science Communications* [serial on the Internet] 2002;4(4) [cited 2011 July 25] Available from : <http://www2.fbi.gov/hq/lab/fsc/backissu/april2002/miller1.htm>