ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์

คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

แบบฟอร์มกำหนดโครงการวิศวกรรมคอมพิวเตอร์

ประจำปีการศึกษา 2560

ชื่อหัวข้อโครงงาน

(ภาษาไทย) ฐานข้อมูลออนไลน์ Short Tandem Repeat เพื่อการวิจัยและทดสอบทางนิติเวช

(ภาษาอังกฤษ) Short tandem repeat online database for research and test in forensic medicine

	ชื่อ – นามสกุลนิสิต		เลขประจำตัว	ลายมือชื่อนิสิต
1.	นาย วศิน Mister Wasin	ปณิธานศิริกุล Panitansirikul	5730540521	.....

	อาจารย์ที่ปรึกษาโครงการ		ลายมือชื่อ
(หลัก)	อ.ดร. ดวงดาว	วิชาดากุล	.....

สารบัญ

ชื่อหัวข้อโครงงาน

(ภาษาไทย) ฐานข้อมูลออนไลน์ Short Tandem Repeat เพื่อการวิจัยและทดสอบทางนิติเวช

(ภาษาอังกฤษ) Short tandem repeat online database for research and test in forensic medicine

ปัญหาและความสำคัญของปัญหา

การพิสูจน์อัตลักษณ์นั้นสามารถทำได้โดยการเปรียบเทียบรหัสพันธุกรรมของตัวอย่างทดสอบว่ามีความคล้ายคลึงกับชุดอ้างอิงมากน้อยเพียงใด โดยวิธีการหลักที่ได้รับการยอมรับเป็นมาตรฐานสากลคือการใช้ส่วน Short Tandem Repeat (STR) ในการจำแนกตัวบุคคลนั้นๆ โดย Short Tandem Repeat นั้นคือส่วนของ ลำดับเบสสั้นๆทีเกิดขึ้นซ้ำๆกันในบริเวณหนึ่งของสาย DNA เราเรียกบริเวณที่ใช้ตรวจสอบดังกล่าวว่า Locus โดยคนแต่ละคนอาจจะมีจำนวนการซ้ำของ STR เท่ากันบ้างในบาง Locus แต่ไม่มีทางที่จะมีจำนวนการซ้ำเท่ากันในทุก Locus อย่างแน่นอน ทำให้เราสามารถระบุตัวตนของบุคคลนั้นๆได้ หากมีข้อมูล Short Tandem Repeat ของบุคคลนั้นๆ

ภาควิชานิติเวชศาสตร์ คณะแพทย์ศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ได้ทำการเก็บข้อมูล STR ดังกล่าวย้อนหลังไว้เป็นเวลากว่า 10 ปีทำให้มีข้อมูลอยู่ปริมาณมาก แต่การจัดเก็บข้อมูลนั้นเก็บเป็น ไฟล์ Excel ทั่วไปซึ่งเป็นอุปสรรคต่อการนำข้อมูลเหล่านั้นมาวิเคราะห์รวมกัน และในส่วนของการวิเคราะห์เบื้องต้นนั้น เจ้าหน้าที่ห้องปฏิบัติการจะเป็นผู้ลงมือทำแบบอนาล็อก ซึ่งสร้างความยุ่งยากและใช้เวลาอย่างมาก ข้าพเจ้าจึงอาสามาช่วยสร้างระบบจัดเก็บข้อมูลและวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้นเพื่ออำนวยความสะดวกเจ้าหน้าที่ห้องปฏิบัติการต่อไป

ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง

1. **Sanger Sequencing (CE)** [11] [12]

   เป็นวิธีการในการสกัดสารพันธุกรรมแบบหนึ่ง โดยใช้เทคนิค Capillary Electrophoresis ซึ่งมีขั้นตอนต่างๆดังนี้

   1.1 Amplified DNA

   คือการสังเคราะห์ส่วนของ DNA ที่สนใจเพิ่มเนื่องจากการตรวจสอบจำเป็นต้องใช้ DNA มากปริมาณหนึ่ง จากนั้นให้ความร้อนส่วนของ DNA เหล่านั้นเพื่อให้ DNA แยกออกจากกันเป็นแบบขาเดี่ยว

1.2 **Attach the primer**

เติมส่วนของ primer ที่ขาเดี่ยวของ DNA เหล่านั้นเพื่อเป็นจุดเริ่มต้นสำหรับ DNA polymerase

1.3 **Add the fluorescent base**

เติมเบสชนิดพิเศษที่จะทำให้ DNA polymerase หยุดทำงานเนื่องจากเบสเหล่านี้ไม่มีส่วนของ Hydroxyl-Group ที่ปลาย Carbon 3' โดยเบสชนิดพิเศษเหล่านี้มีคุณสมบัติเรืองแสงได้

1.4 **Polyacrylamide Gel Electrophoresis**

นำ DNA ที่ได้จากกระบวนการก่อนหน้ามาผ่าน Polyacrylamide Gel Electrophoresis Plate ผ่าน Sensor ซึ่งจะอ่านค่าออกมาเป็นแถบสีตามความยาวของ DNA ก่อนหน้าทำให้สามารถแสดงผลเป็นลำดับเบสของ DNA ได้

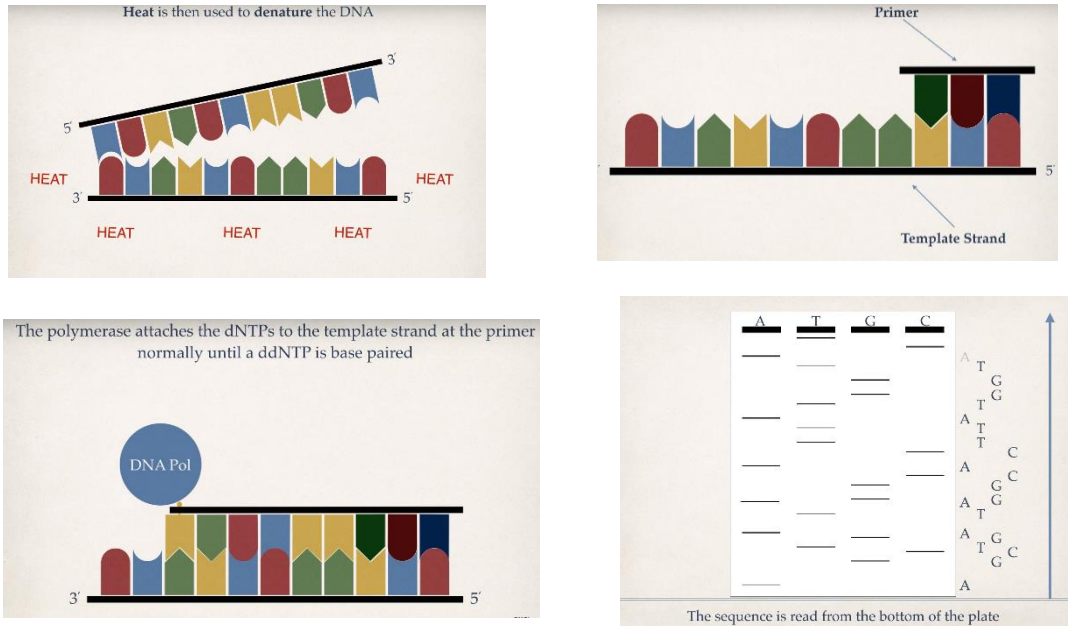


Figure 1 กระบวนการ Sanger Sequencing

Reference: https://www.youtube.com/watch?v=FvHRio1yyhQ

2. Next Generation Sequencing (NGS) [10]

เป็นวิธีการใหม่ในการสกัดสารพันธุกรรม ซึ่งห้องทดลองของภาคนิติเวช คณะแพทย์ศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัยนั้นใช้ชุดทดลอง Forenseq เป็นเครื่องมือในการทำ NGS จากบริษัท Illumina โดยสามารถแสดงรายละเอียดของลำดับเบสอย่างชัดเจนทำให้การเปรียบเทียบอัตลักษณ์มีความละเอียดมากขึ้น กระบวนการทำ NGS สามารถแบ่งออกเป็น 4 ช่วงหลักๆ ดังนี้

2.1. Library Preparation

เป็นส่วนของการเตรียม DNA ที่จะใช้ในการตรวจสอบ โดยทำการตัด DNA เป็นส่วนเล็กๆ แล้วเพิ่มส่วนจำเพาะไว้บริเวณหัว และท้ายของสาย DNA จากนั้นจึงส่ง DNA เหล่านี้ไปเข้ากระบวนการ Polymerase Chain Reaction และ gel purified

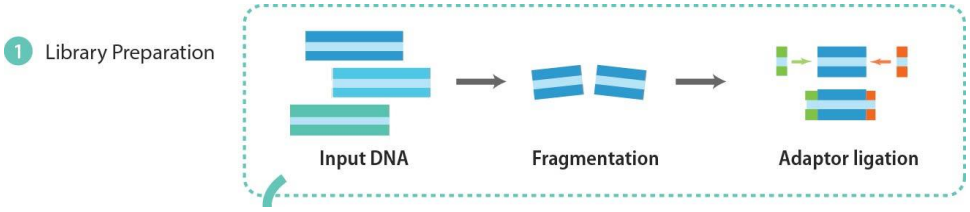


Figure 2 ขั้นตอน Library Preparation

Referece: https://www.abmgood.com/Enzymes/images/NGS-Process.jpg

2.2. Cluster Generation

นำ DNA ที่ผ่านกระบวนการ Library Preparation แล้วมาติดกับแผ่น flow cell และเข้าสู่กระบวนการ Bridge Amplification cycle

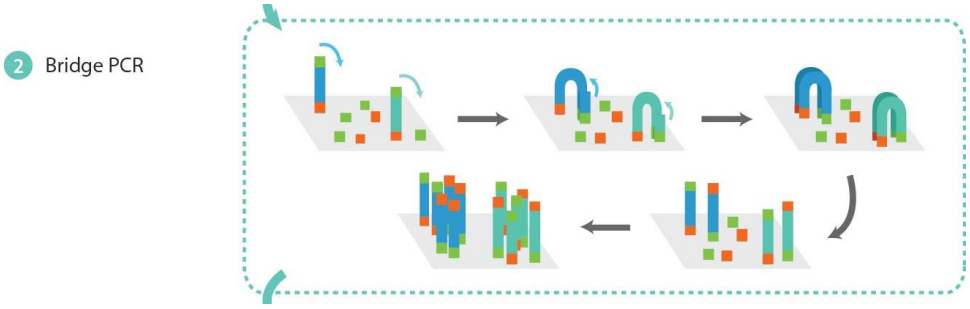


Figure 3 ขั้นตอน Cluster Generation

Reference: https://www.abmgood.com/Enzymes/images/NGS-Process.jpg

2.3. Sequencing

เพิ่ม nucleotide ลงไปใน DNA ที่เตรียมไว้ โดย nucleotide เหล่านี้จะมีลักษณะพิเศษคือถูกกำกับไว้อย่างชัดเจน โดยการเรืองแสงเพื่อให้สามารถตรวจสอบคู่เบสได้อย่างชัดเจน

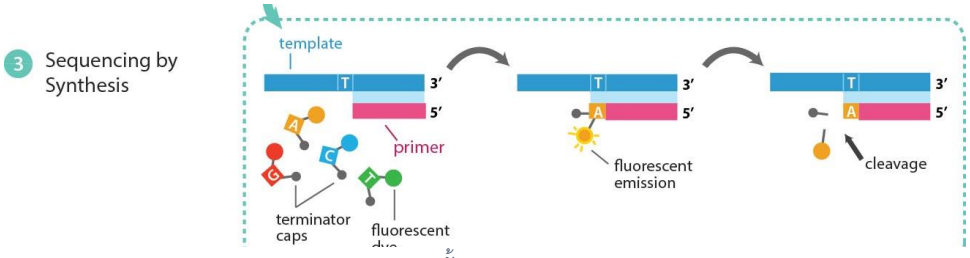


Figure 4 ขั้นตอน Sequencing

Reference: https://www.abmgood.com/Enzymes/images/NGS-Process.jpg

2.4. Data Analysis

นำชิ้นส่วน DNA เหล่านั้นมาเปรียบเทียบกับ Reference genome เพื่อตรวจสอบหาความแตกต่างและสรุปผลเพื่อสร้างลำดับ DNA ที่ถูกต้อง

3. Chromosome

คือส่วนเก็บสารพันธุกรรมของมนุษย์และสิ่งมีชีวิต โดยในมนุษย์นั้นถูกแบ่งออกเป็น 2 ส่วนได้แก่

- Autosomal Chromosome

  Chromosome ที่เก็บสารพันธุกรรมที่แสดงลักษณะต่างๆของร่างกาย เช่น แขน ขา สีตา จมูก เป็นต้น

- Sex Chromosome

  Chromosome ที่เก็บสารพันธุกรรมที่เป็นส่วนกำหนดเพศของสิ่งมีชีวิตได้แก่ Y – Chromosome และ X - Chromosome

4. Sequence Alignment

การนำสาย DNA หลายๆเส้นมาเรียงเปรียบเทียบความแตกต่างที่เกิดขึ้นในแต่ละสาย เพื่อนำไปวิเคราะห์ต่อในกระบวนการทางพันธุศาสตร์

5. ประเภทของ Short Tandem Repeat Sequence

5.1. Autosomal STR

ข้อมูลที่ได้จากการถอดรหัส Autosomal Chromosome ซึ่งจะแสดงถึงลักษณะที่แตกต่างกันตามแต่ละ Locus ซึ่ง Locus นี้ก็คือการอ้างอิงส่วนพื้นที่หนึ่งบนสาย DNA โดยจะแสดงส่วนของ Locus ไหนบ้างนั้น ก็จะแตกต่างกันไปตามชนิดชุดตรวจสอบที่ใช้ เช่นกรณีที่ห้องทดลองของคณะแพทย์ศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัยใช้ชุดตรวจสอบ Forenseq นั้นจะแสดงค่าออกมาทั้งหมด 27 Loci หรือก็คือ ตรวจสอบ 27 ตำแหน่งบนสาย DNA นั่นเอง

5.2. Y-STR

ข้อมูลที่ได้จากการถอดรหัส Y – Chromosome ซึ่งจะแสดงถึงลักษณะที่แตกต่างกันของแต่ละ Locus ในแต่ละบุคคล ซึ่งในส่วนของ Locus นั้น ก็จะแตกต่างกันไปตามชนิดชุดตรวจสอบที่ใช้ โดยสำหรับข้อมูลชนิดนี้จะมีเฉพาะกลุ่มตัวอย่างที่เป็นเพศชายเท่านั้น

5.3. X-STR

ข้อมูลที่ได้จากการถอดรหัส X – Chromosome ซึ่งจะแสดงถึงลักษณะที่แตกต่างกันของแต่ละ Locus ในแต่ละบุคคล ซึ่งในส่วนของ Locus นั้น ก็จะแตกต่างกันไปตามชนิดชุดตรวจสอบที่ใช้

5.4. Single Nucleotide Polymorphism (SNP)

เป็นการตรวจสอบโดยอาศัยข้อมูลที่แตกต่างจาก STR โดย SNP นั้นจะตรวจสอบชนิดของคู่เบสที่พบใน Locus นั้นๆว่าเป็นชนิดใด (A C T G) ซึ่งข้อมูล SNP นั้นสามารถใช้เพื่อระบุลักษณะสำคัญต่างๆของตัวอย่างทดสอบได้ เช่น

- Identity SNP สำหรับระบุตัวตนของบุคคลนั้นๆ
- Phenotypic SNP สำหรับระบุลักษณะต่างๆของตัวอย่างทดสอบ เช่น สีตา
- Ancestral SNP เพื่อระบุความเกี่ยวพันทางสายเลือดของตัวอย่างทดสอบ (ความเป็นพ่อลูก)

6. ค่าทางสถิติต่างๆ

6.1. Allele

คือจำนวนการเกิดซ้ำของช่วง STR ใน Locus ที่ทำการตรวจสอบ เช่น Locus ชื่อ TPOX มี Allele 8 หมายความว่ามีการซ้ำของชุดเบสในส่วนนี้ (AATG) 8 ครั้ง ดังนี้ AATGAATGAATGAATGAATGAATGAATG เป็นต้น

6.2. Allele frequency

ปริมาณสัดส่วนของข้อมูลที่มีจำนวนการซ้ำของ Allele ชนิดนั้นๆเทียบกับจำนวนข้อมูลทั้งหมดใน Locus หนึ่ง

$$A = \frac{n}{N}\, x\, 100$$

6.3. Heterozygosity

ปริมาณสัดส่วนของข้อมูลที่มี Type Allele หรือ Allele ที่ใช้ในการประเมินผลทั้ง 2 ตัว เป็นคนละค่ากันเทียบกับข้อมูลทั้งหมดใน Locus หนึ่ง

$$h = \frac{n}{N}\, x\, 100$$

6.4. Homozygosity

ปริมาณสัดส่วนของข้อมูลที่มี Type Allele หรือ Allele ที่ใช้ในการประเมินผลทั้ง 2 ตัว เป็นค่าเดียวกันเทียบกับข้อมูลทั้งหมดใน Locus หนึ่ง

$$H = 1 - h$$

6.5. Haplotype frequency

จำนวนความซ้ำที่เกิดขึ้นบนรูปแบบของ Sequence แต่ละ Locus โดยจะเป็นการเก็บข้อมูลเป็นตารางไว้ใช้ในเชิงสถิติ เช่น

จำนวนครั้งการซ้ำ	**จำนวนรูปแบบของการซ้ำ**	**รูปแบบ Haplotype**
2	2	AATG
		ACTG
3	1	TTG

งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

1. **"STRidER STRs for identity ENFSI Reference database"** [5] [6]

   Strider 2.0 เป็นฐานข้อมูลส่วนกลางของกลุ่มศึกษาวิจัยด้าน DNA ในทวีปยุโรป ที่มีฟังก์ชันในการตรวจสอบข้อมูล forensic ตัวอย่างเทียบกับข้อมูล forensic ในฐานข้อมูลโดยเป็นการพัฒนาต่อยอดมาจาก Strider อีกทีหนึ่ง

2. **YHRD** [7]

   ฐานข้อมูล Y-STR haplotypes สำหรับการตรวจสอบ forensic และกรณีตรวจหาความเป็นเครือญาติ

3. **USDR** [8]

   ฐานข้อมูล Y-STR haplotypes โดย National Center for Forensic Science ร่วมกับ University of Central Florida

4. **The Allele FREquency Database (ALFRED)** [9]

   ฐานข้อมูลของ Gene Frequency สำหรับประชากรมนุษย์โดยกระทรวงวิทยาศาสตร์ ประเทศสหรัฐอเมริกา

5. **"STRBase: a short tandem repeat DNA database for the human testing community"** [1]

   ฐานข้อมูลสำหรับ DNA typing community ที่ประกอบด้วยข้อมูลต่างๆดังนี้

   - Short tandem repeat (STR) DNA markers
   - STR multiplex kit ชนิดต่างๆ
   - Polymerase chain reaction primer sequence ต่างๆ

6. **"A catalog of sequence diversity at human identification Short Tandem Repeat loci"** [3]

   ข้อมูล Short Tandem Repeat sequence จากตัวอย่างทดสอบจะถูกเก็บไว้ในรูปแบบ GenBank ใช้สำหรับแลกเปลี่ยนและเปรียบเทียบกันในประเทศต่างๆ โดยในแต่ละ GenBank record นั้นประกอบไปด้วย autosomal STR, Y-chromosomal STRs, X-chromosomal STRs.

โดยจากตัวอย่างฐานข้อมูลดังกว่าวสามารถสรุป functionality ของ ฐานข้อมูลเหล่านั้นออกมาเป็นตารางได้ดังนี้

ฐานข้อมูลตัวอย่าง	**ฟังก์ชันที่สามารถทำได้**
Strider 2.0	- เปรียบเทียบชุดข้อมูลทดสอบกับฐานข้อมูลโดยมีชนิดชุดทดลองดังนี้ - SGMplus - ESSplex - Identifier - ESSplex SE - Powerplex 16, 18 21 - NGM - Fusion - NGM-SE - ESI-16, 17 - ESIX- 16, 17 - Globalfiler - แสดงสถิติของข้อมูลในฐานข้อมูลในปัจจุบันว่าที่ Locus ใดมีความถี่มากเพียงใด - แสดงรายละเอียดว่าข้อมูลมาจากประชากรประเทศใดสัดส่วนเท่าใด
YHRD	- เปรียบเทียบชุดข้อมูลทุสอบกับฐานข้อมูลโดยมีชนิดชุดทดลองดังนี้ - Minimal - Maximal - Powerplex Y - Powerplex Y23 - Yfiler - Yfiler Plus

	- แสดงสถิติของข้อมูลในฐานข้อมูลในปัจจุบันว่าที่ Locus หนึ่ง Allele ใดมีความถี่มากเพียงใด - แสดงรายละเอียดว่าข้อมูลมาจากประชากรประเทศใดสัดส่วนเท่าใด
USDR	- เปรียบเทียบชุดข้อมูลทดสอบกับฐานข้อมูลโดยมีชนิดชุดทดลองดังนี้ - Powerplex Y - Powerplex Y23 - Yfiler - Yfiler Plus - แสดงสถิติของข้อมูลในฐานข้อมูลในปัจจุบันว่าที่มีมาจากหน่วยงานใด
ALFRED	- การค้นหาโดย Loci, ประชากร - รายละเอียดของตัวอย่างในแต่ละ Loci ที่มีในฐานข้อมูลได้แก่ - ทวีปที่อยู่ของตัวอย่าง - ข้อมูล Heterozygosity - สัดส่วนของ gene ที่เจอใน Loci

เครื่องมือที่ใช้ในการพัฒนา

1. **ส่วน Server (Back-end)**
   - implement โดย Framework Node JS
2. **ส่วนติดต่อกับผู้ใช้ (Front-end)**
   - implement โดย library React JS
3. **ฐานข้อมูล**
   - implement โดย MySQL Database
4. **การจัดการเกี่ยวกับการวิเคราะห์ข้อมูล**
   - implement โดยใช้ Python

วัตถุประสงค์

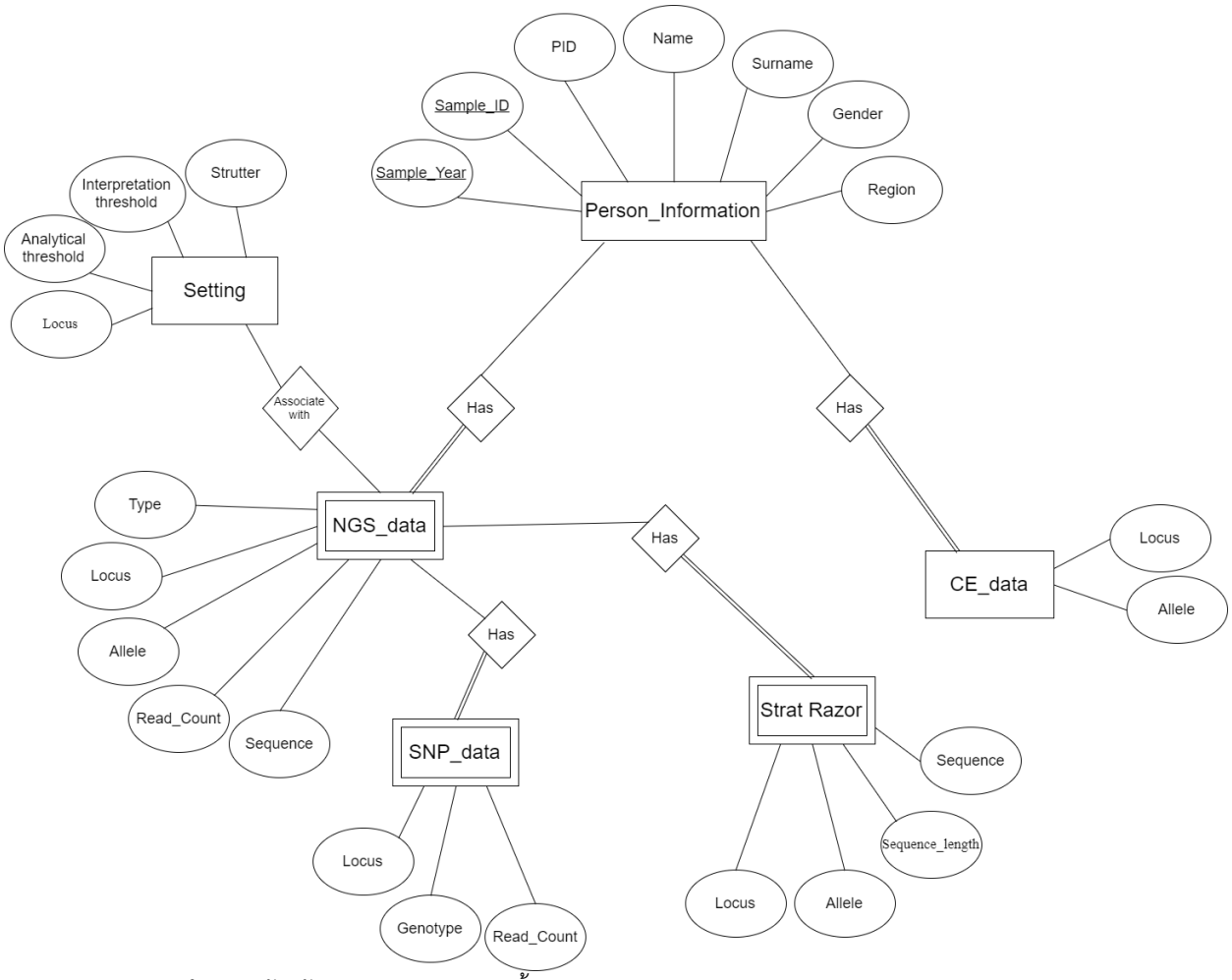
1. เพื่อสร้างระบบฐานข้อมูลที่ช่วยอำนวยความสะดวกให้กระบวนการตรวจสอบและการวิจัยทางนิติเวช

ขอบเขตของโครงงาน

1. ศึกษาฐานข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับ STRs ที่มีอยู่ในปัจจุบัน
2. วิเคราะห์ความแตกต่างของแต่ละฐานข้อมูลที่ได้ไปศึกษามา

3. ออกแบบและพัฒนาระบบฐานข้อมูลใหม่ที่มีความเหมาะสมกับข้อมูลที่ต้องการจัดการโดยมีความสามารถดังนี้

- เก็บและเพิ่มข้อมูลในรูปแบบฐานข้อมูล
- ค้นหาเปรียบเทียบข้อมูลตัวอย่างกับข้อมูลในฐานข้อมูล
- ทำ Sequence Alignment สำหรับ Locus ที่ต้องการ
- แสดงสถิติข้อมูลที่มีอยู่ในฐานข้อมูล
- คำนวณค่า Allele Frequency, Heterozygosity, Homozegosity และ Haplotype Frequency ได้

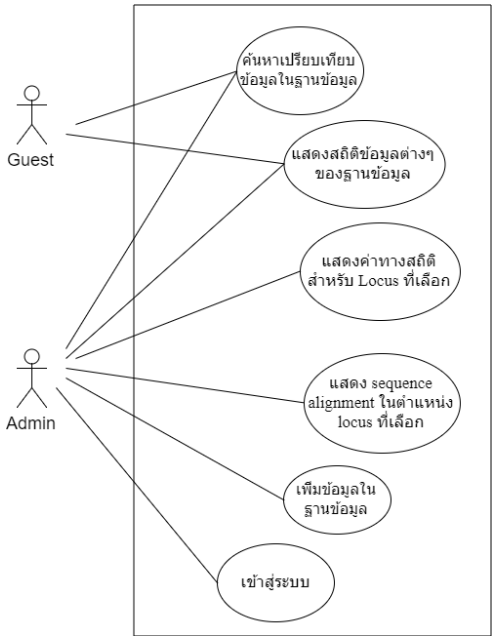


โดย ER ข้างต้นมี Data Dictionary ดังนี้

Name	Description	Attribut Name	Attribute description	Data Type	Length	Key	Nullable
Personal_ Information	เก็บข้อมูลประวัติส่วนบุคคลต่างๆ	Sample_Year	ปี พศ. ที่ตัวอย่างทำการตรวจสอบ	STRING	2	Y	N
		Sample_ID	หมายเลขกำกับของตัวอย่าง	STRING	6	Y	N
		PID	รหัสประจำตัวประชาชน	STRING	13	N	N
		Name	ชื่อเจ้าของข้อมูล	STRING	20	N	N

		Surname	นามสกุลเจ้าของข้อมูล	STRING	40	N	N
		Gender	เพศของเจ้าของข้อมูล	STRING	1	N	N
		Region	ภูมิลำเนาเจ้าของข้อมูล	STRING	10	N	N
CE_data	ข้อมูลที่ได้มาจากกระบวนการ Sanger Sequencing	Locus	ชื่อตำแหน่งอ้างอิงบนสาย DNA	STRING	12	N	N
		Allele	จำนวนการซ้ำของส่วน STR	STRING	2	N	N
NGS_data	ข้อมูลที่ได้มาจากกระบวนการ Next Generation Sequencing	Type	แสดงว่าเป็น STR จาก chromosome ประเภทใด	STRING	1	N	N
		Locus	ชื่อตำแหน่งอ้างอิงบนสาย DNA	STRING	12	N	N
		Allele	จำนวนการซ้ำของส่วน STR	STRING	2	N	N
		Read_Count	จำนวนครั้งของการปรากฏ ในขั้นตอนการถอดรหัส	Number	-	N	N
		Sequence	ลำดับเบสที่เกิดขึ้น	STRING	255	N	N
SNP_data	ข้อมูลประเภท Single Nucleotide Polymorphism	Locus	ชื่อตำแหน่งอ้างอิงบนสาย DNA	STRING	12	N	N
		Genotype	ชนิดของคู่เบสที่พบใน Locus นี้	STRING	1	N	N
		Read_Count	จำนวนครั้งของการปรากฏ ในขั้นตอนการถอดรหัส	Number	-	N	N
Strat Razor	ข้อมูลที่ได้มาจากกระบวนการ Strat Razor Analysis	Locus	ชื่อตำแหน่งอ้างอิงบนสาย DNA	STRING	12	N	N
		Allele	จำนวนการซ้ำของส่วน STR	STRING	2	N	N
		Sequence	ลำดับเบสที่เกิดขึ้น	STRING	255	N	N
		Sequence_length	ความยาวของลำดับเบส	Number	-	N	N
Setting	เงื่อนไขที่ใช้ในการแปรผล	Locus	ชื่อตำแหน่งอ้างอิงบนสาย DNA	STRING	12	N	N
		Strutter		STRING	-	N	N
		Interpretation_threshold	ค่าขั้นต่ำที่จะให้การยอมรับผลการทดสอบนั้น	Number	-	N	N
		Analytical_threshold	ต่าขั้นต่ำที่จะนำผลการทดสอบนั้นไปใช้ได้จริง	Number	-	N	N

4. ทดสอบและประเมินผลการทำงานของระบบใหม่โดยจะต้องมี use case diagram ดังนี้



ขั้นตอนการดำเนินงาน

1. กำหนดวัตถุประสงค์ เป้าหมาย และขอบเขตของโครงการ
2. ศึกษาค้นคว้าทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง
3. ศึกษาการทำงานของระบบฐานข้อมูลตัวอย่างที่มีอยู่แล้ว
4. ทำการพัฒนาระบบฐานข้อมูลสำหรับข้อมูลต้องการจัดเก็บ
5. ทดสอบประสิทธิภาพของระบบฐานข้อมูลใหม่
6. ศึกษาค้นคว้าเพิ่มเติมและแก้ไขสิ่งที่อาจสามารถเพิ่มประสิทธิภาพให้กับระบบได้
7. รวบรวมข้อมูลเพื่อจัดทำรายงาน
8. จัดทำรายงานฉบับสมบูรณ์
9. ตรวจทานและแก้ไขรายงานฉบับสมบูรณ์

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. ได้ระบบที่ช่วยเหลืองานวิจัย และการทำงานด้านนิติเวช
2. ได้รับความรู้จากการศึกษาเรื่องพันธุกรรมของมนุษย์ และส่วนที่เกี่ยวข้อง
3. ได้รับความชำนาญจากการ implement web application

เอกสารอ้างอิง

[1] Christian M. Ruitberg, Dennis J. Reeder and John M. Butler, 2001, STRBase: a short tandem repeat DNA database for the human identity testing community.: Nucleic Acids Research, v.29, p. 320 – 322.

[2] “a short tandem repeat DNA database for the human identity testing community”, [Online]. Available at: http://strbase.nist.gov/

[3] Gettings, K. B., L. A. Borsuk, D. Ballard, M. Bodner, B. Budowle, L. Devesse, J. King, W. Parson, C. Phillips, and P. M. Vallone, 2017, STRSeq: A catalog of sequence diversity at human identification Short Tandem Repeat loci.: Forensic Sci Int Genet, v. 31, p. 111-117.

[4] “How does Illumina NGS work”, [Online]. Available at: https://www.illumina.com/science/technology/next-generation-sequencing.html

[5] “STRidER STRs for identity ENFSI Reference database”, [Online]. Available at: https://strider.online/

[6] Bodner M, Bastisch I, Butler JM, Fimmers R, Gill P, Gusmão L, Morling N, Phillips C, Prinz M, Schneider PM, Parson W (2016) Recommendations of the DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG) on quality control of autosomal Short Tandem Repeat allele frequency databasing (STRidER); Forensic Sci Int Gen 24:97-102

[7] “YHRD international Y-STR haplotypes database”, [Online]. Available at: https://yhrd.org/

[8] “USDR USA Y-STR haplotypes database”, [Online]. Available at: https://www.usystrdatabase.org/

[9] Cheung KH, Miller PL, Kidd JR, Kidd KK, Osier MV, Pakstis AJ. "ALFRED: a Web-accessible allele frequency database".*Pac Symp Biocomput 2000*.:639-50, [Online]. Available at: https://alfred.med.yale.edu/

[10] YaranYang ,BingbingXie, JiangweiYan, 2014, Application of Next-generation Sequencing Technology in Forensic Science.: Genomics, Proteomics & Bioinformatics, v12 p 190-197

[11] McCord, B. Encyclopedia of Forensic Sciences Capillary Electrophoresis in Forensic Genetics, 2013, 394-401.

[12] Oorschot R ; Ballantyne K. Capillary Electrophoresis in Forensic Biology, 2013, 560-566.