

การแยกความแตกต่างของดีเอ็นเอในแฝดแท้

Differentiation of Monozygotic Twins' DNA

พ.ต.ท.กิตติศักดิ์ ศิริจันทร์วางษ์*

การตรวจดีเอ็นเอในทางนิติวิทยาศาสตร์

พยานหลักฐานทางนิติวิทยาศาสตร์ถือว่าเป็นหลักฐานที่มีความน่าเชื่อถือ เป็นที่ยอมรับและมีการนำมาใช้ในกระบวนการยุติธรรม โดยเฉพาะงานพิสูจน์หลักฐานของตำรวจ ในอดีตจนถึงปัจจุบันใช้ลายพิมพ์นิ้วมือในการพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล ยืนยันตัวผู้กระทำผิด หรือใช้ในการเชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างวัตถุพยานสถานที่เกิดเหตุ และผู้ต้องสงสัยหรือผู้ต้องหาในทางคดี ซึ่งเป็นที่ทราบกันดีว่าลายนิ้วมือของคนเราจะไม่ซ้ำกัน

เทคโนโลยีดีเอ็นเอเป็นเทคนิคทางอนุพันธุศาสตร์ที่ใช้ในการศึกษาลำดับเบสของดีเอ็นเอช่วงหนึ่งของดีเอ็นเอที่สามารถนำมาใช้เป็นเครื่องหมายบ่งชี้ความเป็นเอกลักษณ์ของสิ่งมีชีวิต หรือที่เรียกว่าเครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA Markers) [3] ซึ่งใช้ศึกษาทั้งทางด้านพฤกษศาสตร์ สัตววิทยา และแม้แต่ในงานนิติวิทยาศาสตร์ก็มีบทบาทมาก สำหรับเทคโนโลยีดีเอ็นเอในงานนิติวิทยาศาสตร์มีหลายวิธี หากจำแนกโดยใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรม (Genetic Marker) จากลักษณะการเรียงตัวของเบสในสายดีเอ็นเอ ได้แก่ การตรวจ Variable Number of Tandem Repeats (VNTP), Short Tandem Repeats (STRs) และ Pentanucleotide Repeats หรือถ้าจำแนกโดยใช้ Genetic Marker จากลักษณะพหุสัณฐานในตำแหน่งของนิวคลีโอไทด์ (Nucleotide Site Polymorphisms) ได้แก่ Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs), HLA-DQA1, Polymarker (PM) และ Alu Sequences (Insertion Polymorphisms) เป็นต้น [4]

งานพิสูจน์หลักฐานของตำรวจไทยมีการปรับปรุงและพัฒนาการตรวจวัตถุพยานด้านนิติวิทยาศาสตร์มาตลอด สำหรับการนำเทคโนโลยีดีเอ็นเอมาใช้ในงานนิติวิทยาศาสตร์นั้น กองพิสูจน์หลักฐาน(กลาง) สำนักงานพิสูจน์หลักฐานตำรวจ สำนักงานตำรวจแห่งชาติ ได้มีการนำเทคโนโลยีการตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอมาใช้ในการตรวจพิสูจน์วัตถุพยานเพื่อคลี่คลายคดีตั้งแต่ประมาณปี พ.ศ. 2540 เรื่อยมา ในช่วงแรกใช้เทคนิค HLA-DQA1 ร่วมกับ Polymarkers (PM) ต่อมาเปลี่ยนมาใช้เทคนิค Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) เป็นการตรวจดีเอ็นเอบริเวณ Variable Number

of Tandem Repeat (VNTP) แต่เนื่องด้วยข้อจำกัดของเทคนิคนี้ที่ต้องใช้วัตถุพยานที่ค่อนข้างสมบูรณ์และใช้ปริมาณมาก ในขณะที่วัตถุพยานทางนิติวิทยาศาสตร์ค่อนข้างจะไม่สมบูรณ์และมีปริมาณน้อย จึงทำให้ต้องเลิกใช้เทคโนโลยีนี้ไป ในปัจจุบันหันมาใช้วิธีการตรวจดีเอ็นเอบริเวณที่เรียกว่า Microsatellite หรือ Short Tandem Repeat (STR) ซึ่งสามารถใช้วิธีการนี้ได้กับของกลางที่มีปริมาณน้อยได้

*อาจารย์ (สบ 3) กลุ่มงานคณาจารย์คณะนิติวิทยาศาสตร์ โรงเรียนนายร้อยตำรวจ



STR คือบริเวณของสายดีเอ็นเอที่มีเบสเรียงตัวซ้ำกันเป็นช่วงสั้นๆ และอยู่ติดกัน ซึ่งลักษณะการซ้ำของลำดับเบสแบบนี้ เป็นลักษณะจำเพาะและมีลักษณะพหุสัณฐานหรือมีความหลากหลายระหว่างบุคคล (Polymorphism) และสามารถนำมาประยุกต์ใช้เป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรมหรือลักษณะเฉพาะของบุคคล (Genetic Marker) เช่นเดียวกับลายพิมพ์นิ้วมือ และเรียกวิธีการตรวจดีเอ็นเอนี้ว่า การตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอ หรือ DNA Fingerprinting หรือ DNA Genotyping หรือ DNA Typing ซึ่งผลการตรวจ STR-DNA สามารถช่วยในการสืบสวนสอบสวน เนื่องจากสามารถใช้ระบุหรือยืนยันตัวบุคคลได้ ดังนั้น จึงสามารถใช้พิสูจน์ความผิดของผู้ต้องหาให้ยืนยันความบริสุทธิ์ของผู้ต้องสงสัย หรือพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลในกรณีเหตุภัยพิบัติซึ่งมีคนเสียชีวิตจำนวนมาก นอกจากนี้ยังใช้เชื่อมโยงความสัมพันธ์ระหว่างวัตถุพยานสถานที่เกิดเหตุ และผู้ต้องสงสัยหรือผู้ต้องหาได้เช่นเดียวกันกับการใช้ผลการตรวจลายพิมพ์นิ้วมือ และนอกจากนี้ยังสามารถใช้ตรวจสอบความสัมพันธ์ทางสายโลหิตได้ เช่น พิสูจน์ความสัมพันธ์แบบบิดามารดาและบุตรสำหรับจำนวนตำแหน่ง STR ที่ใช้การตรวจสอบความสัมพันธ์ทางสายโลหิตและการพิสูจน์ในงานนิติวิทยาศาสตร์หรือในทางคดี สำนักงานพิสูจน์หลักฐานตำรวจทำการตรวจ STR จำนวน 15 ตำแหน่ง และตำแหน่งระบุเพศ 1 ตำแหน่งในขณะที่ต่างประเทศมีการตรวจ 16 ถึง 24 ตำแหน่ง [5] แต่สำหรับฐานข้อมูลดีเอ็นเอของตำรวจสอบสวนกลางสหรัฐอเมริกา หรือ FBI จะใช้ ระบบ CODIS ย่อมาจาก Combined DNA Index System คือตรวจ STR จำนวน 13 ตำแหน่ง [4]

แฝดในมนุษย์

ผู้หญิงในวัยเจริญพันธุ์โดยปกติสามารถตั้งครรภ์และให้กำเนิดทารกได้หนึ่งคนต่อการตั้งครรภ์หนึ่งครั้ง เนื่องจากในรอบหนึ่งเดือนจะมีไข่ตกเพียงหนึ่งใบและหากเกิดการปฏิสนธิระหว่างอสุจิและไข่นี้ จะได้ตัวอ่อนขึ้นมาสี่ตัวอ่อน แต่ในบางสภาวะอาจเกิดการตั้งครรภ์แฝด (multiple pregnancy) เมื่อถึงเวลาคลอดอาจให้กำเนิดทารกมากกว่าหนึ่งคน หรือที่เรียกว่าให้กำเนิดลูกแฝด ซึ่งอาจจะเกิดจากไข่หนึ่งใบหรือมากกว่าก็ได้

แฝดในมนุษย์ หมายถึง การที่มีบุตรสองคนหรือมากกว่า คลอดหรือเกิดมาจากการตั้งครรภ์ในคราวเดียวกัน [1] แฝดมี 2 ประเภท คือ

1. แฝดแท้บางครั้งอาจเรียกแฝดเหมือน [2] หรือแฝดร่วมไข่ (Monozygotic twins หรือ Identical twins) เป็นแฝดที่เกิดจากไข่หนึ่งใบและอสุจิ 1 ตัวมาปฏิสนธิกัน ต่อมาจึงมีการแบ่งแยกเซลล์ตัวอ่อนออกเป็นสองตัวอ่อน ซึ่งจะมีเพศเดียวกันเสมอและมีหน้าตาเหมือนกัน
2. แฝดเทียมบางครั้งอาจเรียกแฝดไม่เหมือน [2] หรือแฝดคล้ายหรือแฝดต่างไข่ (Dizygotic twins หรือ Fraternal twins) เป็นแฝดที่เกิดจากการปฏิสนธิของไข่คนละใบและอสุจิคคนละตัว ตัวอ่อนมีการพัฒนาอิสระต่อกัน ซึ่งจะมีเพศเดียวกันหรือต่างเพศกันก็ได้

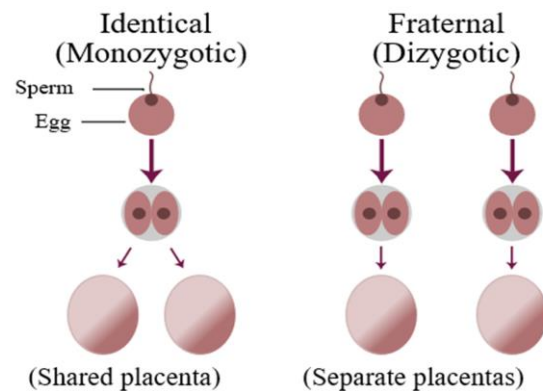
ในแฝดแท้พบ 60-70% ใช้ร่วมน้ำคร่ำแต่แยกถุงน้ำคร่ำ พบ 18-30% ของตัวอ่อนในครรภ์ใช้รกและถุงน้ำคร่ำแยกกัน และพบ 1 - 2 เปอร์เซ็นต์ ใช้รกและถุงน้ำคร่ำร่วมกันในส่วนของแฝดต่างไข่ แต่ละตัวอ่อนจะมีรกและถุงน้ำคร่ำของตัวเองและแยกกัน [1].

การหาความแตกต่างในแฝด

ในประเทศไทยอัตราการเกิดแฝดแท้พบ 1 : 250 [2] อัตราการเกิดแฝดสองพบ 1 : 89 [6-7] ในประเทศอังกฤษพบการเกิดแฝดมีอัตรา 1 : 65 [8] ในประเทศเยอรมนีพบมีแฝดประมาณ 3 : 1,000 ของเด็กที่คลอด และพบว่าประมาณ 6 ใน 1,000 ในเพศชายเป็นแฝดแท้ ดังนั้นอาชญากรรมหรือการพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายโลหิตที่มีแฝดแท้เข้าไปเกี่ยวข้องจะพบอยู่บ่อยๆ และบางครั้งเมื่อเกิดเหตุในทำนองนี้ขึ้น จะได้รับความสนใจในระดับสูงมาก [5] ในเรื่องการค้นหาความ

แตกต่างในแฝดพบมีงานวิจัยเชิงการแพทย์จำนวนหนึ่งได้พรรณานความแตกต่างระหว่างคู่แฝดว่า ได้ตรวจพบลักษณะทางพันธุกรรมบางอย่างที่เกี่ยวข้องกับการแสดงออกหรือไม่แสดงออกทางพันธุกรรมที่เกิดจากอิทธิพลของสิ่งแวดล้อม (epigenetics) แต่ผลงานวิจัยนี้ไม่สามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการแยกความแตกต่างในแฝดได้ในเชิงนิติวิทยาศาสตร์ [9-11] Bruder et al. ได้ทำการศึกษาเพื่อหาความแตกต่างทางด้านพันธุกรรมของแฝด แต่การศึกษาของเขาไม่มีวัตถุประสงค์ทางนิติวิทยาศาสตร์เช่นกัน [12] นอกจากนี้ยังพบบทความจำนวนหนึ่งกล่าวถึงการใช้เทคโนโลยีการตรวจหาลำดับเบส หรือ Next Generation Sequencing (NGS) ในงานตรวจดีเอ็นเอจากไมโทคอนเดรีย (Mitochondrial DNA) ทางคดี [13-16] ในทำนองเดียวกันยังพบมีงานวิจัยที่แนะนำให้ใช้เทคโนโลยี NGS ในการตรวจดีเอ็นเอบนโครโมโซมวาย (Y-Chromosomal DNA) เพื่อหาความแตกต่างในเพศชายที่มีความใกล้เคียงกันมากทางสายเลือด [17] เมื่อศึกษาการถ่ายทอดลักษณะการกลายพันธุ์ (Mutation) ในแฝดแท้เพศชายพบมีงานวิจัยรายงานว่ามากกว่า 80% ของบุตรจะได้รับการถ่ายทอดลักษณะการกลายพันธุ์อย่างน้อยหนึ่งลักษณะในกลุ่มเซลล์สืบพันธุ์ตั้งต้น (Germline) จากแฝดผู้เป็นบิดา แต่ไม่พบในแฝดที่เป็นลูกหรืออา [18]

ภาพเปรียบเทียบการพัฒนาของ zygote ในแฝดแท้และแฝดเทียม



(Attribution: <https://en.wikipedia.org/wiki/Twin>)



โอกาสที่แฝดแท้จะมีดีเอ็นเอแตกต่างกัน

สำหรับกรณีบุคคลที่เป็นแฝดแท้ คือแฝดที่เกิดจากไข่ใบเดียวกันและอสุจิตัวเดียวกัน ซึ่งเป็นที่ทราบกันดีว่าจะมีลักษณะทางพันธุกรรมเหมือนกัน ดังนั้นจะไม่สามารถตรวจหาความแตกต่างด้วยการตรวจ STR-DNA ตามมาตรฐานที่ใช้ตรวจทางนิติวิทยาศาสตร์หรือในทางคดี เช่น การพิสูจน์บิดาตามคำกล่าวหา หรือร่องรอยดีเอ็นเอจากที่เกิดเหตุเป็นต้น ความไม่สามารถของ STR นี้ทำให้เกิดปัญหาที่แก้ไขไม่ได้ หากผู้กระทำความผิดเป็นแฝดแท้

นักวิทยาศาสตร์ได้มีการนำเสนอการทดลองที่ออกแบบมาเพื่อหาความแตกต่างระหว่างแฝดแท้ ในกรณีพิพาททางสายโลหิต ซึ่งเป็นการตรวจเพื่อแกะรอยการถ่ายทอด STR-DNA จากบิดาไปสู่บุตรชาย ซึ่งด้วยวิธีนี้จะไม่สามารถแยกความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างแฝดแท้ได้เพราะ STR ของพวกเขาจะเหมือนกัน ดังนั้นบิดาตามคำกล่าวหา สามารถปิดความรับผิดชอบไปให้แฝดพี่หรือแฝดน้องของตนได้ ในปัจจุบันการตรวจ DNA จะไม่สามารถแก้ปัญหาข้อพิพาทลักษณะแบบนี้ได้ เว้นแต่เมื่อสามารถตรวจพบลักษณะ Mutation ที่พวกเขาไม่มีร่วมกันบนตำแหน่ง STR ซึ่งโอกาสนี้จะพบน้อยมาก ในขณะที่โอกาสมี Mutation ที่ไม่ร่วมกันตลอดจีโนม (Genome) กลับมีสูง บาง Mutation บน DNA มักเกิดในหลายๆ วงรอบของการจำลองตัวเองของ DNA หรือวงรอบการแบ่งเซลล์ ตั้งแต่ในช่วงการพัฒนาของตัวอ่อนจนถึงวัยเจริญพันธุ์ Krawczak et al. รายงานว่ามากกว่า 98% ของการตั้งครภ์แฝดแท้ การแบ่ง Zygote (ตัวอ่อน) ออกเป็น 2 ตัวอ่อน จะเกิดภายในสัปดาห์แรก ดังนั้นเซลล์ตัวอ่อนจะผ่านวงรอบการแบ่งเซลล์มากกว่าหรือเท่ากับ 7 ครั้งของช่วงการเกิดแฝด ที่เห็นชัดเจนคือถ้ามี Mutation เกิดขึ้นก่อนหน้านี้ แฝดตัวอ่อนทั้งคู่ก็จะได้รับ Mutation นี้ไป แต่ถ้ามี Mutation เกิดขึ้นหลังจุดนี้ไป (จุดที่ตัวอ่อนแยกออกจากกันแล้ว) แฝดคู่นี้จะไม่มี Mutation ร่วมกัน คือ มีเพียงตัวอ่อนตัวใดตัวหนึ่งจะได้รับ Mutation นี้ไป และภายในปลายสัปดาห์ที่สองของการตั้งครภ์นี้แต่ละเซลล์ของ 15,000 เซลล์ ตัวอ่อนจะผ่านการแบ่งเซลล์มา 7 หรือ 8 ครั้ง ประมาณ 1/3 ของเซลล์เกิดใหม่นี้จะเจริญต่อไปเป็นชั้นเนื้อเยื่อ Mesoderm ซึ่งเป็น 1 ใน 3 ของชั้นเนื้อเยื่อปฐมภูมิของตัวอ่อนเริ่มแรกและเซลล์ย่อยของเซลล์เหล่านี้ (ประมาณ 50 เซลล์) จะเคลื่อนย้ายเข้าไปในถุงไข่แดงและแบ่งเซลล์ต่อไปอีก 6 หรือ 7 ครั้ง จากนั้นจึงดำเนินต่อไปสู่อวัยวะเพศตั้งต้นของตัวอ่อนโดยกลุ่มเซลล์สืบพันธุ์ตั้งต้นเพศหญิงจะแบ่งตัวเพียง 13 ครั้ง ก่อนจะไปอยู่ในกระบวนการแบ่งเซลล์แบบ Meiosis แต่กลุ่มเซลล์ตั้งต้นเพศชายจะผ่านการแบ่งเซลล์อีก 365 รอบ ซึ่งเด็กจะเข้าถึงวัยเจริญพันธุ์ และเริ่มมีการสร้างเซลล์สืบพันธุ์เพศชาย อัตราการรวมตัวที่ผิดพลาดในแต่ละรอบของการจำลองตัวของดีเอ็นเออยู่ที่ประมาณ 10^{-8} ต่อ Nucleotide ต่อรุ่นสำหรับทุกๆ 3 เบส ที่มีการแทนที่ จะพบประมาณ 1 insertion หรือ deletion โดยถ้าประมาณความเป็นไปได้จะพบอย่างน้อย 1 mutation ที่ถ่ายทอดได้ ซึ่งเป็นสิ่งที่แตกต่างกันในแฝดแท้ (การถ่ายทอดที่พบในแฝดคนหนึ่งแต่ไม่พบในแฝดอีกคน) โดยพบได้ถึง 83% และโอกาสที่จะเห็น mutation ที่ต่างกันทั้งสองคนนี้จะเกิน 53% ดังนั้นแฝดแท้ส่วนมากจะมีความแตกต่างกันทางพันธุกรรม ซึ่งตามทฤษฎีแล้วสามารถนำความต่างนี้มาแยกแฝดแท้ได้ และสามารถนำมาใช้ระบุบิดาที่แท้จริง

ในกรณีพิพาทเรื่องสายโลหิตได้ [18] อย่างไรก็ตาม ด้วยวิธีตรวจสอบสารพันธุกรรม ที่พัฒนามากขึ้น เช่น การตรวจหาลำดับเบสตลอด Genome ซึ่ง ณ ปัจจุบันนี้ยังติดขัดด้วยเรื่องการใช้เวลาการตรวจที่ยาวนานมาก และใช้งบประมาณสูงมาก นักวิทยาศาสตร์ควรที่จะสามารถหาความแตกต่างทางพันธุกรรมและนำวิธีการดังกล่าวนี้ไปแก้ไขปัญหาข้อพิพาทหรือการพิสูจน์สายโลหิตที่มีผู้ต้องหาเป็นแฝดแท้

จากทฤษฎีการเกิดและการถ่ายทอดลักษณะ Mutation ดังกล่าวข้างต้นนี้ Weber-Lehmann et al. ได้ทำการวิจัยตรวจสอบดีเอ็นเอของแฝดอย่างละเอียดเพื่อหาความแตกต่างกัน ซึ่งต้องตรวจหาเบสที่แตกต่างกันที่มีอยู่ใน Genome การตรวจสอบความแตกต่างในแฝดแท้มีขั้นตอนและวิธีที่ยุ่งยาก เนื่องจากต้องตรวจลำดับเบสที่มีอยู่ทั้งหมดมากกว่าสามพันล้านเบสเพอร์ (base pair) โดยในงานวิจัยนี้มีการตรวจหาลักษณะการกลายพันธุ์ หรือ Mutation ด้วยการใช้เทคโนโลยี NGS เพื่อหาลำดับเบสของดีเอ็นเอจากตัวอย่างที่เป็นตัวสุจิจากแฝดเหมือนคู่หนึ่ง และจากตัวอย่างที่เป็นเลือดของบุตรหนึ่งคน ซึ่งเป็นบุตรของหนึ่งในแฝดคู่นี้ ผลการวิเคราะห์พบ 5 สนิป (SNPs) อยู่ในแฝดบิดาและบุตรของแฝดบิดา แต่ไม่พบในแฝดลูก ลักษณะ Mutation นี้จะเกิดขึ้นในระยะเริ่มแรกหลังการแยกของ Blastocyst ออกเป็น 2 ส่วน ซึ่งเป็นจุดเริ่มต้นของฝาแฝด และลักษณะ Mutation นี้จะดำเนินต่อไปในเนื้อเยื่อร่างกายและเซลล์สืบพันธุ์ตั้งแต่ต้น (Germline) และจะถ่ายทอดไปยังบุตรวิธีการที่ใช้นี้จะนำมาซึ่งหนทางในการแก้ปัญหา เรื่องการพิสูจน์ทางสายโลหิตและคดีความที่มีฝาแฝดมาเกี่ยวข้อง เช่น พิสูจน์ความเป็นบิดาตามคำกล่าวหา หรือหาผู้เป็นเจ้าของวัตถุพยานดีเอ็นเอในที่เกิดเหตุได้ เป็นต้น [5]

ตัวอย่างคดีที่มีผู้ต้องหาเป็นแฝดแท้ในประเทศไทย



เมื่อปี 2552 มีเหตุทำร้ายร่างกายในร้านแห่งหนึ่ง โดยใช้อาวุธมีด เหตุการณ์นี้มีผู้ได้รับบาดเจ็บสาหัส หลังก่อเหตุคนร้ายแยกย้ายกันหลบหนี ตำรวจออกหมายจับนายดำ (นามสมมุติ) ต่อมาปลายปี 2553 ตำรวจจับตัวบุคคลหาตามหมายจับ โดยในกระเป๋าสตางค์ของบุคคลผู้นี้มีเอกสารระบุชื่อนายดำ ซึ่งตรงกับบุคคลตามหมายจับ บุคคลผู้นี้ถูกนำเข้าสู่กระบวนการยุติธรรม ศาลชั้นต้นพิพากษาจำคุก 4 ปี

ศาลอุทธรณ์ก็มีคำพิพากษายืนต่อมาปี 2555 นางแดง (นามสมมุติ) ได้พานายดำ มาเข้ามอบตัวกับตำรวจ เนื่องจากต้องคดีทำร้ายร่างกายหลังจากที่ผ่านมา เจ้าหน้าที่ตำรวจได้จับกุมนายขาน้องชายฝาแฝดของนายดำเข้าคุกแทน ทำให้นายขานติดคุกแทนนายดำผู้เป็นพี่ชายมานานปีกว่าแล้ว ทั้งนายดำและนายขานเป็นบุตรแฝดของตน เมื่อมีการตรวจสอบลายพิมพ์นิ้วมือพบว่าบุคคลที่อยู่ในเรือนจำคือนายขานจริง ไม่ใช่ นายดำ มารดาของนายขานจึงได้ร้องเรียนต่อสื่อมวลชนว่ามีการจับผิดตัว ต่อมาศาลมีคำสั่งปล่อยตัวชั่วคราวระหว่างรอฎีกา จากคดีตัวอย่างจับแฝดแท้ผิดตัวนี้ในท้ายสุดจะเห็นว่า



เจ้าหน้าที่สามารถคลี่คลายปัญหาได้ด้วยการตรวจสอบลายพิมพ์นิ้วมือเพื่อยืนยันตัวบุคคลที่ถูกต้อง และหากคดีนี้มีการใช้ผลตรวจ STR-DNA เพียงอย่างเดียวจะไม่สามารถแยกความแตกต่างของแฝดแท้ได้เลย และจะเป็นปัญหามาก หากเป็นคดีที่ไม่มีพยานหลักฐานอื่นใดนอกจากหลักฐานดีเอ็นเอ

การตรวจดีเอ็นเอในทางนิติวิทยาศาสตร์เป็นการนำเทคโนโลยีดีเอ็นเอซึ่งเป็นเทคนิคทางอณูพันธุศาสตร์ มาใช้ในการตรวจหาความเป็นเอกลักษณ์ของบุคคลยุคปัจจุบันนิยมใช้ STR-DNA marker เป็นเครื่องหมายบ่งชี้ความเป็นเอกลักษณ์ของมนุษย์เพื่อใช้ในการคลี่คลายคดีต่างๆ แต่อย่างไรก็ตาม STR-DNA ยังมีข้อจำกัดหากเป็นคดีที่มีผู้ต้องหาเป็นแฝดแท้มาเกี่ยวข้อง ซึ่งเป็นที่ทราบกันว่าแฝดแท้เป็นแฝดที่เกิดจากการปฏิสนธิของไข่ 1 ใบและอสุจิ 1 ตัว ดังนั้นแฝดแท้จะมีชุด STR เหมือนกัน จึงไม่สามารถแยกแฝดแท้ด้วยการใช้ STR-DNA marker ได้ คดีที่เกี่ยวข้องกับแฝดแท้ถึงแม้จะพบไม่มาก เมื่อเปรียบเทียบกับคดีทั่วไป แต่เมื่อใดที่มีเหตุหรือคดีเกี่ยวข้องกับแฝดแท้ จะได้รับความสนใจอย่างมากจากสาธารณชน สังคมจะเกิดความสงสัยว่ามีการจับผู้ต้องหาผิดตัวหรือถูกตัวดังคดีตัวอย่างที่ยกมาข้างต้น ในปัจจุบันงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการตรวจหาความแตกต่างของดีเอ็นเอในแฝดแท้ในประเทศไทยยังไม่มีเผยแพร่ออกมา ในขณะที่ในต่างประเทศกลับมีการตีพิมพ์เผยแพร่มากพอสมควร ซึ่งรายงานถึงวิธีการตรวจหาความแตกต่างของดีเอ็นเอในแฝดแท้โดยใช้เทคโนโลยี NGS ในการตรวจหา SNPs หรือลักษณะ Mutation ของแฝดแท้ซึ่งเป็นวิธีที่สามารถตรวจแยกความแตกต่างในแฝดแท้ได้ สำหรับงานด้านกระบวนการยุติธรรมในประเทศไทยจึงจำเป็นต้องนำเทคโนโลยีดังกล่าวมาใช้ หากคดีแฝดนี้ไม่มีวัตถุพยานอื่นใดนอกจากวัตถุพยานดีเอ็นเอเพียงอย่างเดียว



เอกสารอ้างอิง

- [1] วิกีพีเดีย สารานุกรมเสรี Retrieves as of September 15, 2016 from
https://en.wikipedia.org/wiki/Twin#cite_ref-MedicineNet_1-0
- [2] ดิฐกานต์ บริบูรณ์หิรัญสาร. **การตั้งครรภ์แฝด**. ภาควิชาสูติศาสตร์-นรีเวชวิทยา.คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล. 2553: www.si.mahidol.ac.th/sidoctor/e-pl/articledetail.asp?id=39.
- [3] สุริพร เกตุงาม. **เครื่องหมายดีเอ็นเอในงานปรับปรุงพันธุ์พืช (DNA Markers in Plant Breeding)**. วารสารวิชาการภาควิชาพืชไร่ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัย. ปีที่ 5 ฉบับที่ 2. กรกฎาคม-ธันวาคม 2546.
- [4] U.S. Department of Justice. Office of Justice Programs. **The Future of Forensic DNA Testing: Predictions of the Research and Development Working Group**. 2000 : 37-45.
- [5] Weber-Lehmann, J., Schilling, E., Gradl, G., Richter, D.C., Wiehler, J., Rolf, B. **Finding the needle in the haystack: Differentiating “identical” twins in paternity testing and forensics by ultra-deep next generation sequencing**. Forensic Science International : Genetics 9 (2014) 42-46.
- [6] เอื้อมเดือน วิริยะมนตรี. **“แฝด มหัศจรรย์แห่งชีวิต”ในประชากรและสังคม**.2551. สำนักพิมพ์ประชากรและสังคม. 2551.
- [7] Med.Thai. **12 วิธีทำลูกแฝด &อยากได้ลูกแฝดต้องทำอะไร**. Retrieves as of September 15, 2016, from <https://www.pinterest.com/Kemmpn12/medthaicom/>
- [8] บัณณพัฒน์ จันทร์สว่าง. **ปัญหาเด็กฝาแฝด(Problems in Twins Children)**.Retrieves as of September 22, 2016, from <http://taamkru.com/th>
- [9] Harder, A., Titze, S., Herbst, I., Harder, T., Guse, K., Tinschert, S., Kaufmann, D., Rosenbaum, T., Mautner, V.F., Windt, E., Wahllander-Danek, U., Wimmer, K., Mundlos, S., Perters, H. **Monozygotic twins with neurofibromatosis type 1 (NF1) display differences in methylation of NF1 gene promoter elements, 5' untranslated region, exon and intron 1**. Twin Res. Hum. Genet. 13 (2010) 582-594.
- [10] Vogt, J., Kohihase, J., Morlot, S., Kluwe, I., Maunter, V.F., Cooper, D.N., Kehrer-Sawatzki, H. **Monozygotic twins discordant for neurofibromatosis type 1 due to a postzygotic NF1 gene mutation**. Hum. Mutat. 32 (2011) E2134-E2147.



- [11] Fraga, M.F., Ballestar, E., Paz, M.F., Ropero, S., Setien, F., Ballestar, M.I., Heine-Suner, D., Cigudosa, J.C., Uriotse, M., Benitez, J., Boix-Chornet, M., Sanchez-Aguilera, A., Ling, C., Carisson, E., Poulsen, P., Vaag, A., Stephan, Z., Spetor, T.D., Wu, Y.Z., Plass, C., Esteller, M. **Epigenetic differences arise during the lifetime of monozygotic twins.** Proc. Natl. Acad. Sci. USA 102 (2005) 10604-10609.
- [12] Bruder, C.E., Piotrowski, A., Gijsbers, A.A., Andersson, R., Erickson, S., Diaz de Stahl, T., Menzel, U., Sandgren, J., von Tell, D., Poplawski, A., Crowley, M., Castro, C., Partridge, E.C., Tiwari, H., Allison, D.B., Komorowski, J., van Ommen, G.J. **Phenotypically concordant and discordant monozygotic twins display different DNA copy-number-variation profiles.** Am.J.Hum.Genet. 82(2008) 763-771.
- [13] Mikkelsen, M., Rockenbauer, E., Wachter, A., Fendt, I., Zimmermann, B., Parson, W., Abel Nielsen, S., Gilbert, T., Willerslev, E., Morling, N. **Application of full mitochondrial genome sequencing using 454 GS FLX pyrosequencing.** Forensic Sci. Int: Genet. Suppl. Series 2 (2009) 518-519.
- [14] Loreille, O., Koshinsky, H., Fofanov, V.Y., Irwin, J.A., **Application of next generation sequencing technologies to the identification of highly degraded unknown soldiers' remains.** Forensic Sci. Int: Genet. Suppl. Series. 3 (2011) e540-e541.
- [15] Parson, W., Strobl, C., Huber, G., Zimmermann, B., Gomes, S.M., Souto, I., Fendt, I., Delport, R., Langit, R., Wootton, S., Lagace, R., Irwin, J. **Evaluation of next generation mtGenome sequencing using the ion torrent personal genome machine (PGM).** Forensic Sci. Int. Genet. 7 (2013) 543-549.
- [16] Holland, M.M., McQuillan, M.R., O'Hanlon, K.A. **Second generation sequencing allows for mtDNA mixture deconvolution and high resolution detection of heteroplasmy.** Croat. Med. J. 52 (2011) 299-313.
- [17] Berglund, E.C., Kiialainen, A., Syvanen, A.C. **Next-generation sequencing technologies and applications for human genetic history and forensics.** Invest.Cenet. 2(2011)23.
- [18] Krawczak, M., Cooper, D.N., Fandrich, F., Engel, W., Schmidtke, J. **How to distinguish genetically between an alleged father and his monozygotic twin: A thought experiment.** Forensic Science International: Genetics 2011. 6(5): e129-30.