

Chúng tôi thấy tỉ lệ nhiễm giun cao hơn ở nhóm không sử dụng đồ bảo hộ lao động khi làm việc tiếp xúc trực tiếp với đất (15,1%) so với nhóm có sử dụng đồ bảo hộ lao động (4,6%), khác biệt có ý nghĩa thống kê với $p < 0,05$, OR = 3,7, 95%CI từ 1,2-11; ở nhóm thường xuyên ăn rau sống (26,2%) so với nhóm không thường xuyên ăn rau sống (4,6%), khác biệt có ý nghĩa thống kê với $p < 0,05$, OR = 7,4, 95%CI từ 3,1-17,5; ở nhóm không thường xuyên rửa tay trước khi ăn và sau khi đi đại tiện (28,3%) so với nhóm thường xuyên rửa tay trước khi ăn và sau khi đi đại tiện (6,5%), khác biệt có ý nghĩa thống kê với $p < 0,05$, OR = 5,7, 95%CI từ 2,6-12,5.

Từ kết quả nghiên cứu này, chúng tôi cho rằng cần thiết duy trì các hoạt động phòng chống giun sán tại các đơn vị, trong đó có việc thực hiện tẩy giun định kỳ cho toàn thể cán bộ, chiến sĩ để tiếp tục giảm tỉ lệ nhiễm, cường độ nhiễm giun truyền qua đất, góp phần bảo vệ, chăm sóc và nâng cao sức khỏe, sức chiến đấu cho bộ đội.

4. KẾT LUẬN.

Nghiên cứu 259 cán bộ, chiến sĩ các đơn vị thuộc Bộ Chỉ huy Bộ đội Biên phòng tỉnh Đắk Lắk, từ tháng 9 đến tháng 11/2016, kết luận:

- Tỉ lệ nhiễm chung là 11,6%; trong đó, nhiễm giun đũa 8,1%, nhiễm giun móc/mỏ 3,5%, nhiễm giun tóc 0,8%. Tỉ lệ nhiễm giun đũa, giun tóc và giun móc/mỏ ở nhóm cấp úy và hạ sĩ quan, chiến sĩ cao hơn ở nhóm cấp tá, sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($p < 0,05$).

- Nhóm người không sử dụng đồ bảo hộ lao động khi tiếp xúc trực tiếp với đất, nhóm thường xuyên ăn rau sống và nhóm không thường xuyên rửa tay trước khi ăn hoặc sau khi đi đại tiện có nguy cơ nhiễm giun cao hơn lần lượt so với nhóm có sử dụng đồ bảo hộ lao động khi tiếp xúc trực tiếp với đất, nhóm không thường xuyên ăn rau sống và nhóm thường xuyên rửa tay trước khi ăn hoặc sau khi đi đại tiện 3,7 lần, 7,4 lần và 5,7 lần.

TÀI LIỆU THAM KHẢO:

1. WHO (2013), *Eliminating Soil-transmitted helminthiasis as a public health problem in children*, Progress report 2001-2010 and strategic plan 2011-2020.
2. Lê Thành Đồng, Dương Công Thịnh và CS (2014), "Thực trạng nhiễm giun sán ở một số cộng đồng dân cư khu vực biên giới Việt Nam-Campuchia năm 2012", *Tạp chí Y học Tp. Hồ Chí Minh*, tập 18, phụ bản số 6, tr. 315-319.
3. Ybliu Arul (2008), *Thực trạng và một số yếu tố nguy cơ nhiễm giun truyền qua đất ở người Ê đê Buôn Bướ và Earang, tỉnh Đắk-Lắk năm 2007-2008*, Luận văn thạc sĩ, Trường ĐH Tây Nguyên.
4. Nguyễn Văn Văn, Phạm Thị Lan Anh, Trần Văn Thanh (2016), "Tỉ lệ và các yếu tố liên quan

nhiễm giun truyền qua đất ở cộng đồng các dân tộc Tày, Ê đê, Kinh, huyện Buôn Đôn, tỉnh Đắk Lắk năm 2015", *Tạp chí Phòng chống bệnh sốt rét và các bệnh kí sinh trùng*, số 5 (94), tr. 42-47.

5. Võ Thị Thanh Hiền (2010), *Nghiên cứu thực trạng và một số yếu tố nguy cơ nhiễm giun đường ruột của học sinh tại hai trường tiểu học thuộc thành phố Lào Cai năm 2009-2010*, Luận văn thạc sĩ, Trường Đại học Y Hà Nội.

6. Nguyễn Trọng Phú, Triệu Kim Đăng (2009), "Tình hình nhiễm giun truyền qua đất và một số yếu tố liên quan của người dân xã Phù Nham, huyện Văn Chấn, tỉnh Yên Bái năm 2007", *Tạp chí phòng chống bệnh sốt rét và các bệnh kí sinh trùng*, số 4, tr. 72-78.

7. Trần Phủ Mạnh Siêu, Huỳnh Quốc Tuấn (2015), "Thực trạng và các yếu tố liên quan nhiễm giun ở học sinh Trường Tiểu học Tăng Bạt Hổ và Trường Tiểu học Ân Nghĩa (Hoài Ân, Bình Định) năm 2014", *Báo cáo Khoa học hội nghị kí sinh trùng toàn quốc lần thứ 42*, tr. 123-130. □

NGHIÊN CỨU TÀN SUẤT CÁC ĐỘT BIẾN ĐIỂM VÙNG HV1...

(Tiếp theo trang 52)

hiều (10-30%) và 4 đột biến điểm có tần suất biến đổi rất nhiều (> 30%). Trong đó, 6 đột biến điểm G16129A, T16140C, T16189C, C16192T, T16297C, T16311C là các đột biến điểm trong vùng HV1-ADN ty thể có tần suất đặc trưng cho quần thể người Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO:

1. Phan Văn Chi và CS (2006), *Nghiên cứu giải mã genome ty thể các tộc người Việt Nam và định hướng ứng dụng*, Đề tài cấp Nhà nước, mã số KC 04-25
2. Budowle B, Wilson M.R, DiZinno et al (1999), "Mitochondrial DNA regions HV1 and HV11 population data", *Forensic Science International*, 1103: 23-35.
3. Goonnapa F, Supan F, Satoshi H et al (2001), "Mitochondrial DNA polymorphisms in Thailand", *J. Hum. Genet.*, (46): 15-125.
4. Satoshi Horai, Kumiko Murayama, Kenji Hayasaka et al (1996), "mtDNA Polymorphism in East Asian Populations, with Special Reference to the Peopling of Japan", *Am. J. Hum. Genet.*, (59): 579-590.
5. Lian Lay Hoong, Koh Chong Lek (2005), "Mitochondrial DNA types in Malaysia Asia Pacific", *Journal of Molecular Biology and Biotechnology*, Vol. 13 (2) 79-85. □

NGHIÊN CỨU TẦN SUẤT CÁC ĐỘT BIẾN ĐIỂM VÙNG HV1 CỦA ADN TY THỂ NGƯỜI VIỆT ỨNG DỤNG TRONG NHẬN DẠNG HÀI CỐT LÂU NĂM

ThS. NGUYỄN THỊ NGỌC ÁNH, BS. NGUYỄN TIẾN THÀNH,
KS. NGUYỄN THỊ LÊ DÂN, CN. PHẠM VĂN BÌNH,
KTV. NGUYỄN TIẾN TÙNG - Viện Pháp y Quân đội
Phản biện khoa học: TS. NGUYỄN VĂN LỢI
Phó Viện trưởng Viện Pháp y Quân đội

TÓM TẮT: HV1 là vùng siêu biến có nhiều đột biến điểm xuất hiện nhất trong ADN ty thể. Xác định được tần suất của các đột biến điểm trong vùng HV1-ADN ty thể sẽ tăng độ tin cậy trong kết quả giám định nhận dạng hài cốt lâu năm. Nghiên cứu của chúng tôi tại các vị trí đột biến điểm vùng HV1-ADN ty thể của 300 mẫu máu thân nhân liệt sĩ Việt Nam.

Kết quả: Xác định được 66 đột biến điểm vùng HV1-ADN ty thể, gồm 47 đột biến điểm có tần suất biến đổi dưới 5% (chiếm 71,21%); 8 đột biến điểm có tần suất biến đổi từ 5-10% (chiếm 12,12%); 7 đột biến điểm có tần suất biến đổi từ 10-30% (chiếm 10,61%) và 4 đột biến điểm có tần suất biến đổi lớn hơn 30% (chiếm 6,06%). 6 đột biến có tần suất cao trong quần thể người Việt, là G16129A (35,33%), T16140C (15%), T16189C (40,33%), C16192T (9,33%), T16297C (12,33%) và T16311C (14%).

Từ khóa: Phân tích ADN ty thể, vùng HV1-ADN ty thể, tần suất.

ABSTRACT: There are the most mutations in hypervariable 1 region in mitochondrial DNA. Determine the frequency of mitochondrial HV1 region mutations improve reliable of identify human remains. Our study are mutations in HV1 region in mitochondrial DNA of 300 blood Vietnamese martyrs' references.

Concluding: Determine 66 mutations in mitochondrial HV1 region: frequencies of 47 mutations are lower 5% (71.21%), frequencies of 8 mutations are 5-10% (12.12%), frequencies of 7 mutations are 10-30% (10.61%), frequencies of 4 mutations are higher 30% (6%). 6 mutations are typical mutations for Vietnamese people: G16129A (35.33%), T16140C (15%), T16189C (40.33%), C16192T (9.33%), T16297C (12.33%), T16311C (14%).

Keywords: DNA analysis; mitochondrial DNA; frequency.

Chịu trách nhiệm nội dung: ThS. Nguyễn Thị Ngọc Ánh, Email: duck19399@gmail.com

Ngày nhận bài: 15/9/2019; mời phản biện khoa học: 09/10/2019; chấp nhận đăng: 26/12/2019.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ.

Phân tích ADN nhận dạng hài cốt gồm kỹ thuật phân tích ADN nhân và kỹ thuật phân tích ADN ty thể. Với các mẫu hài cốt lâu năm, ADN đã bị phân hủy nhiều, kỹ thuật phân tích ADN nhân khó hoặc không thực hiện được; kỹ thuật phân tích ADN ty thể được lựa chọn để nhận dạng hài cốt. Vùng siêu biến HV1 (Hypervariable Region 1) là vùng có nhiều đột biến điểm có giá trị nhận dạng hơn so với các vùng khác của ADN ty thể. Do vậy, phân tích các đột biến điểm vùng HV1-ADN ty thể thường là sự lựa chọn hàng đầu để nhận dạng hài cốt lâu năm.

Xác định các đặc điểm di truyền của ADN ty thể đối với mỗi quần thể là rất quan trọng trong giám định nhận dạng. Khi phân tích và nhận định kết quả giải trình tự ADN ty thể, cần phải xem xét đến tần suất phân bố các biến đổi gen của từng quần thể. Các đột biến điểm trong ADN ty thể có tần suất khác nhau đối với từng quần thể. Khi xác

định được tần suất các đột biến điểm trong ADN ty thể sẽ đánh giá được mức độ đặc trưng quần thể và làm tăng độ tin cậy trong kết quả giám định nhận dạng hài cốt. Vì vậy, chúng tôi thực hiện nghiên cứu này nhằm xác định tần suất các đột biến điểm vùng HV1 của hệ gen ty thể người Việt.

2. ĐỐI TƯỢNG, PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU.

2.1. Đối tượng, thời gian và địa điểm nghiên cứu:

- Đối tượng nghiên cứu: các đột biến điểm vùng HV1-ADN ty thể của 300 trình tự của 300 mẫu máu thân nhân liệt sĩ.

- Thời gian nghiên cứu: từ tháng 12/2018 đến tháng 12/2019.

- Địa điểm nghiên cứu: Phòng thí nghiệm sinh học phân tử, Viện Pháp y Quân đội.

2.2. Phương pháp nghiên cứu:

Thiết kế nghiên cứu: mô tả cắt ngang.

- Phương pháp lựa chọn mẫu: lựa chọn 300 trình tự đạt tiêu chuẩn từ 300 thẻ máu của 300 gia đình Liệt sĩ khác nhau.

- Nội dung nghiên cứu:

+ Tách chiết ADN từ 300 thẻ máu đã lựa chọn.

+ Điện di kiểm tra ADN tổng số.

+ Thực hiện phản ứng khuếch đại và giải trình tự vùng HV1-ADN ty thể, điện di tinh sạch sản phẩm sau khuếch đại.

+ Thực hiện phản ứng PCR sequencing, tinh sạch sản phẩm PCR sequencing, giải trình tự.

+ Đọc, đánh giá và phân tích kết quả.

- Phương pháp xử lý số liệu: xử lý số liệu thu được bằng phần mềm Excel 2007, SPSS 16.0 để đưa ra tần suất các đột biến điểm vùng HV1-ADN ty thể người Việt.

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU.

3.1. Đặc điểm của đối tượng nghiên cứu:

- Độ tuổi (n = 300):

+ Từ 73 tuổi trở xuống: 248 người (83%).

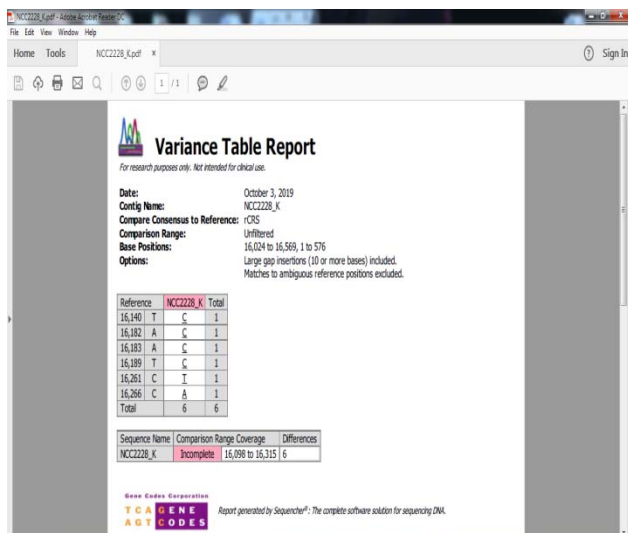
+ Trên 73 tuổi: 52 người (17%).

+ Trung bình: 64,7 tuổi.

Mẫu chủ yếu được thu thập từ anh/chị/em ruột của liệt sĩ. Số mẫu thu thập được từ mẹ hoặc anh/chị/em ruột của mẹ liệt sĩ là rất ít.

3.2. Kết quả khuếch đại và giải trình tự vùng HV1-ADN ty thể:

Khuếch đại và giải trình tự hoàn chỉnh vùng HV1-ADN ty thể 300 mẫu nghiên cứu. Trình tự vùng HV1 đọc được từ vị trí 16024 đến 16365.



Kết quả giải trình tự và phân tích các đột biến điểm vùng HV1-ADN ty thể bằng phần mềm Sequencer.

3.3. Đặc điểm biến đổi nucleotide vùng HV1-ADN ty thể:

Bảng 1. Đặc điểm biến đổi nucleotide vùng HV1-ADN ty thể.

Loại biến đổi		Tổng số biến đổi	Tỉ lệ
Biến đổi thay thế cùng gốc (transition)	A→G	72	5,87%
	G→A	148	12,07%
	C→T	291	23,73%
	T→C	528	43,06%
	Cộng	1.039	84,75%
Biến đổi thay thế khác gốc (tranversion)	A→C	142	11,58%
	C→A	45	3,67%
	Cộng	187	15,25%
Cộng		1.226	100%

Có 1.226 biến đổi vùng HV1-ADN ty thể trên 300 mẫu nghiên cứu. Trong đó, chủ yếu là biến đổi thay thế nucleotide cùng gốc (loại purin thay cho pyrimidin và ngược lại (chiếm 84,75%) với biến đổi T→C chiếm tỉ lệ cao nhất (43,06%); biến đổi thay thế nucleotide khác gốc chiếm 15,25%.

3.4 Tần suất xuất hiện các đột biến điểm vùng HV1-ADN ty thể người Việt:

Bảng 2. Tần suất đột biến điểm vùng HV1-ADN ty thể nghiên cứu.

Tần suất	Các đột biến điểm vùng HV1-AND ty thể	Tổng số	Tỉ lệ %
5%	A16038G, C16069T, T16086C, T16092C, T16136C, C16147T, C16148T, G16153A, A16165G, C16167T, C16169T, T16178C, A16181G(C), A16203G, T16209C, G16213A, C16218T, A16220C, T16224C, A16227G, T16231C, C16234T, A16235G, A16240G, C16256T, C16257A(T), C16260T, T16263C, A16265G, C16266A(T), A16269G, T16271C, A16272G, C16278T, T16288C, C16290T, C16291T, C16292T, C16294T, C16295T, C16301T, G16310A, G16319A, T16324C, C16327T, A16335G, T16356C	47	71,21%

Tần suất	Các đột biến điểm vùng HV1-AND ty thể	Tổng số	Tỉ lệ %
5-10%	C16108T, A16162G, C16192T, C16261T, G16274A, T16298C, A16309G, T16362C	08	12,12%
10-30%	T16140C, T16172C, A16182C, T16217C, T16297C, T16304C, T16311C	07	10,61%
> 30%	G16129A, A16183C, T16189C, C16223T	04	6,06%
Cộng		66	100%

66 vị trí có biến đổi vùng HV1-ADN ty thể so với trình tự rCRS, được phân thành nhóm có tần suất biến đổi thấp (< 5%): 47 vị trí, chiếm 71,21%; nhóm có tần suất biến đổi trung bình (5-10%): 8 vị trí, chiếm 12,12%; nhóm có tần suất biến đổi nhiều (10-30%): 7 vị trí, chiếm 10,61% và nhóm có tần suất biến đổi rất nhiều (> 30%): 4 vị trí, chiếm 6,06%.

4. BÀN LUẬN.

4.1. Đặc điểm đối tượng nghiên cứu:

Đối tượng nghiên cứu của chúng tôi là mẫu máu các thân nhân liệt sĩ Việt Nam. Đặc điểm về tuổi có ý nghĩa quan trọng để đánh giá khả năng lựa chọn mẫu theo đúng phả hệ, phục vụ cho giám định nhận dạng bằng ADN ty thể. Công bố tuổi thọ trung bình người Việt Nam hiện nay là 72,8 tuổi. Trong nghiên cứu của chúng tôi, độ tuổi đối tượng lấy được mẫu chiếm đại đa số từ 73 tuổi trở xuống (83%). Điều này cho thấy khả năng thu được mẫu đối chiếu trong giám định nhận dạng khá khả quan và độ tuổi này là độ tuổi của các thân nhân ngang hàng với liệt sĩ (anh/chị/em ruột liệt sĩ) và các thế hệ con cháu liệt sĩ. Với độ tuổi cao hơn (tương đương thế hệ bà hoặc mẹ liệt sĩ), thường không còn (đã chết) hoặc còn rất ít. Do vậy, lấy được mẫu đối chiếu ở độ tuổi trên 73 thấp (17%) là phù hợp.

4.2. Đặc điểm đột biến nucleotide vùng HV1-ADN ty thể:

- Số vị trí đột biến: chúng tôi nghiên cứu trên 300 người Việt Nam, phát hiện 66 vị trí đột biến ở vùng HV1. Trong khi Phan Văn Chi nghiên cứu trên 44 người Việt Nam (2006), thấy 63 vị trí đột biến trong vùng HV1 [1]. Nghiên cứu với cỡ mẫu lớn hơn có khả năng bắt gặp nhiều vị trí đột biến hơn là phù hợp. Tuy nhiên, vùng HV1 trong nghiên cứu của Phan Văn Chi tính từ vị trí 16024 đến 16519, còn trong nghiên cứu của chúng tôi tính từ vị trí 16024 đến 16365. Như vậy, nghiên cứu của Phan Văn Chi có một số đột biến nằm ngoài vùng phân tích của chúng tôi (T16519C).

Do đó, xác định được nhiều vị trí đột biến ở vùng HV1-ADN ty thể người Việt Nam rất có giá trị trong giám định nhận dạng hài cốt lâu năm.

- Loại hình biến đổi:

Bảng 3. So sánh loại hình biến đổi vùng HV1 với người Nhật Bản và Malaysia.

Loại hình biến đổi	Nhật Bản (162 mẫu) [2]	Malaysia (195 mẫu) [3]	Việt Nam (300 mẫu)
Transition:	92,92%	92,16%	84,75%
- T→C	32,22%	31,55%	43,06%
- G→A	6,84%	5,54%	12,07%
- C→T	22,67%	21,97%	23,73%
- A→G	31,19%	32,38%	5,87%
Transversion	7,08%	7,84%	15,25%
Deletion	13,58%	14,36%	0%

Nghiên cứu của Budowle (1999) [2] trên người Nhật Bản và người Malaysia; của Lian Lay Hoong (2005) [3] trên người Thái Lan cho thấy loại hình biến đổi trong vùng HV1 chủ yếu là thay thế cùng gốc (Transition), trong đó các biến đổi T→C và A→G chiếm tỉ lệ cao hơn.

Như vậy, biến đổi thay thế nucleotide cùng gốc (biến đổi cùng nhân purin: A-G, hay cùng nhân pyrimidin: T-C) trong nghiên cứu của chúng tôi chiếm tỉ lệ cao tương tự như ở Nhật Bản và Malaysia (khoảng 90,0%). Loại biến đổi thay thế nucleotide khác gốc (nhân purin thay thế nhân pyrimidin và ngược lại) trong nghiên cứu của chúng tôi cao hơn ở Nhật Bản và Malaysia. Các biến đổi đặc hiệu này là cơ sở để giám định nhận dạng hài cốt liệt sĩ Việt Nam.

4.3. Tần suất các đột biến điểm vùng HV1-ADN ty thể của người Việt Nam:

Bảng 4. So sánh các điểm đột biến vùng HV1-ADN ty thể người Việt Nam với người Đông Á và người Thái Lan.

STT	Đột biến cùng xuất hiện ở người Việt và người Đông Á	Đột biến cùng xuất hiện ở người Việt và người Thái Lan [3]
1		T16086C
2		C16108T
3	G16129A	G16129A
4		T16140C
5	A16162G	A16162G
6		T16172C
7	T16189C	
8	C16192T	
9	T16209C	

STT	Đột biến cùng xuất hiện ở người Việt và người Đông Á	Đột biến cùng xuất hiện ở người Việt và người Thái Lan [3]
10	T16217C	T16217C
11	C16223T	C16223T
12	T16231C	
13	C16234T	C16234T
14		T16256C
15		C16260T
16		C16261T
17	C16266T	C16266A
18		C16271T
19	C16278T	C16278T
20	C16290T	C16290T
21	T16291C	
22	C16292T	
23	T16297C	
24	T16298C	T16298C
25	T16304C	T16304C
26	T16311C	
27	G16319A	
28	T16324C	
29		C16327T
30	T16362C	T16362C

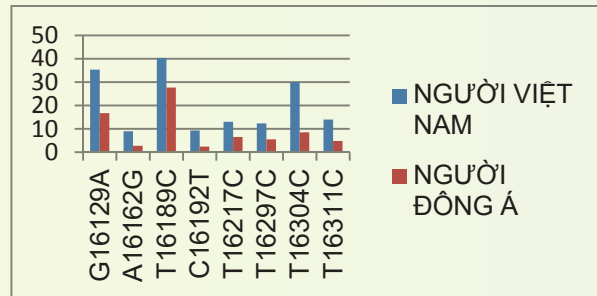
- So sánh đối chiếu tần suất đột biến điểm vùng HV1-ADN ty thể người Việt Nam với người Đông Á: trong 66 đột biến điểm xuất hiện ở vùng HV1 quần thể người Việt Nam, có 21 điểm cùng xuất hiện ở vùng HV1 quần thể người Đông Á [4] và 20 điểm cùng xuất hiện ở quần thể người Thái Lan [5].

+ Người Việt Nam và người Đông Á có 7 đột biến điểm: C16234T, C16278T, C16290T, T16291C, C16292T, T16298C, G16319A không có sự khác biệt ($p > 0,05$). Do vậy, đây không phải là các đột biến điểm đặc trưng cho quần thể người Việt Nam.

+ Người Việt Nam và người Đông Á có 6 đột biến điểm: T16209C, C16223T, T16231C, C16266T, T16324C, T16362C có sự khác biệt ($p < 0,05$). Tuy nhiên, tỉ lệ các mẫu xuất hiện các đột biến này ở người Đông Á cao hơn người Việt Nam. Do vậy, đây không phải là các đột biến điểm đặc trưng cho quần thể người Việt Nam.

+ Người Việt Nam và người Đông Á có 8 đột biến điểm: G16129A, A16162G, T16189C, C16192T, T16217C, T16297C, T16304C, T16311C có sự khác biệt ($p < 0,05$). Tỉ lệ các mẫu xuất hiện các

đột biến này ở người Việt Nam cao hơn người Đông Á. Do vậy, đây có thể là các đột biến điểm đặc trưng cho quần thể người Việt Nam.



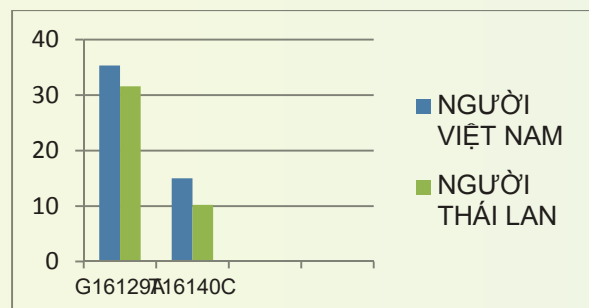
Biểu đồ 1. So sánh 8 vị trí đột biến của người Việt Nam và người Á Đông.

- So sánh tần suất vùng HV1-ADN ty thể của người Việt Nam với tần suất của người Thái Lan:

+ Người Việt Nam và người Thái Lan có 12 đột biến điểm: C16108T, A16162G, T16172C, T16217C, C16234T, C16260T, C16261T, C16266A, C16278T, T16290C, T16298C, T16304C không có sự khác biệt ($p > 0,05$). Đây không phải là các đột biến điểm đặc trưng cho quần thể người Việt Nam.

- Người Việt Nam và người Thái Lan có 6 đột biến điểm: T16086C, C16223T, T16256C, C16271T, C16327T, T16362C có sự khác biệt ($p < 0,05$). Tuy nhiên, tỉ lệ các mẫu xuất hiện các đột biến này ở người Thái Lan cao hơn ở người Việt Nam. Do vậy, đây không phải là các đột biến điểm đặc trưng cho quần thể người Việt Nam.

- Người Việt Nam và người Thái Lan có 2 đột biến điểm: G16129A, T16140C có sự khác biệt ($p < 0,05$). Tỉ lệ các mẫu xuất hiện các đột biến này ở người Việt Nam cao hơn người Thái Lan. Do vậy, đây có thể là các đột biến điểm đặc trưng cho quần thể người Việt Nam.



Biểu đồ 2. So sánh 2 vị trí đột biến của người Việt Nam và người Thái Lan.

5. KẾT LUẬN.

Trong 66 đột biến điểm nghiên cứu trên 300 trình tự HV1-ADN ty thể của 300 thân nhân liệt sĩ người Việt Nam: phát hiện 47 đột biến điểm có tần suất thấp ($< 5\%$); 8 đột biến điểm có tần suất trung bình ($5-10\%$); 7 đột biến điểm có tần suất

(Xem tiếp trang 33)