

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.4: การคำนวณค่าสถิติทางนิติเวชศาสตร์ กรณีการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์พ่อแม่-ลูกพร้อมกัน กรณีการตรวจพิสูจน์ลูกจากการสมสู่ร่วมสายโลหิต และกรณีการตรวจพิสูจน์ลูกผู้พี่-ลูกผู้น้อง

สุคนธ์ ประดุกกาญจนา*

จินตนา ประดุกกาญจนา

สุวิทย์ เรืองกิตติสกุล

PSU CalPat Version 1.4: The Estimation of Forensic Statistical Values in Case of Paternity Trios, Incest and First Cousin.

Sukone Pradutkanchana, Jintana Pradutkanchana Suwit Rueangkittisakul

Department of Pathology, Faculty of Medicine, Prince of Songkla University,

Hat Yai, Songkhla, 90110, Thailand.

*E-mail: mitojin@live.com

Songkla Med J 2013;31(6):303-311

บทคัดย่อ:

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.4 ได้มีการพัฒนาให้มีความสามารถใหม่หลายประการ ได้แก่ การปรับปรุงให้สามารถเปลี่ยนแปลงค่า prior probability และมีการปรับปรุงให้มีความสามารถในการคำนวณค่าทางสถิติสำหรับงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอกรณีต่างๆเพิ่มเติม โดยใช้ autosomal short tandem repeat เช่น 1) การตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน 2) การตรวจความสัมพันธ์ลุงหรืออาหรือปู่-แม่-ลูก 3) การตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิตระหว่างพ่อ-ลูกสาว หรือแม่-ลูกชาย โดยตรวจจากพ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน 4) การตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิตระหว่างพี่-น้อง โดยตรวจจากพ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน 5) การตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิต โดยตรวจจากแม่-ลูก และ 6) การตรวจพิสูจน์ลูกผู้พี่-ลูกผู้น้อง โดยโปรแกรมนี้สามารถพิมพ์ใบรายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอกรณีต่างๆ พร้อมการแปลผลการทดสอบ

ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา 90110

รับต้นฉบับวันที่ 11 กุมภาพันธ์ 2556 รับลงตีพิมพ์วันที่ 19 เมษายน 2556

เป็นภาษาไทย และคำนวณค่าทางสถิติต่างๆ โดยใช้ความถี่แอลลีลของประชากรไทย ดังนั้นโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.4 จึงเป็นอีกหนึ่งโปรแกรมที่เป็นทางเลือกที่น่าสนใจ สำหรับนักวิทยาศาสตร์ชาวไทยที่ปฏิบัติงานด้านการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์

คำสำคัญ: PSU CalPat รุ่น 1.4, ค่าทางสถิติ, ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์, โปรแกรม

Abstract:

PSU CalPat v 1.4 has been developed several new functions for statistical value estimations in forensic deoxyribonucleic acid (DNA) typing. These include the editable prior probability value and expanded statistical value calculations from the usage of autosomal short tandem repeat, such as 1) parentage testing in trios of alleged father, mother and child 2) avuncular testing in trios of alleged uncle, mother and child 3) paternal incest testing or maternal incest testing in trios of father, mother and child 4) sibling incest testing in trios of father, mother and child 5) incest testing in duos of mother and child 6) first cousin testing. This software can print out a DNA typing report of various cases and can show the interpretation in Thai language. All statistical values are estimated by using allele frequencies from Thai population. Thus, PSU CalPat v 1.4 is one of the software of choice for Thai forensic DNA scientists.

Keywords: forensic DNA, PSU CalPat v 1.4, software, statistical value

บทนำ

โปรแกรม PSU CalPat¹ เป็นโปรแกรมจัดการฐานข้อมูลด้านการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ สามารถเก็บข้อมูลรูปแบบดีเอ็นเอได้หลายชนิด ได้แก่ autosomal short tandem repeat (STR), Y-STR, X-STR และ mitochondrial deoxyribonucleic acid (mtDNA) เป็นต้น โปรแกรมนี้สามารถคำนวณค่าทางสถิติในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอกรณีต่างๆ ได้แก่ 1) การตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล 2) การตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด เช่น 2.1) พ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก 2.2) พี่-น้องร่วมพ่อ-แม่เดียวกัน (full sibling) 2.3) พี่-น้องร่วมพ่อเดียวกันคนละแม่ หรือร่วมแม่เดียวกัน

คนละพ่อ (half sibling) หรือลุงป้า-น้าอา-หลาน (uncle-niece/nephew) หรือปู่ย่าตายาย-หลาน (grandparent-grandchild) เป็นต้น 3) การตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือดร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน (maternal lineage) 4) การตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือดร่วมบรรพบุรุษสายพ่อเดียวกัน (paternal lineage) และ 5) การตรวจความสัมพันธ์พี่สาว-น้องสาวร่วมพ่อเดียวกัน หรือความสัมพันธ์ย่า-หลานสาว เป็นต้น

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.2 ยังมีข้อจำกัดด้านการคำนวณค่าทางสถิติในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์บางประการ จึงได้มีการพัฒนาอย่างต่อเนื่อง ปัจจุบันเป็นรุ่น 1.4 มีความสามารถใหม่ที่

พัฒนาขึ้น ได้แก่ การปรับปรุงให้โปรแกรมสามารถคำนวณค่า prior probability เพื่อนำค่านี้ไปใช้คำนวณค่า posterior probability ให้ครอบคลุมการใช้งานกรณีที่เกิดพิบัติภัยหมู่ หรือกรณีที่มีผู้เกี่ยวข้องกับกรณีกว่า 1 คน และปรับปรุงให้มีความสามารถคำนวณค่าทางสถิติอื่นๆเพิ่มเติมจากรุ่น 1.2 อีกหลายประการ ทั้งด้านการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน การตรวจความสัมพันธ์ลุงหรืออาหรือปู่-แม่-ลูก การตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิตระหว่างพ่อ-ลูกสาว (paternal incest) หรือแม่-ลูกชาย (maternal incest) การตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิตระหว่างพี่-น้อง (sibling incest) และการตรวจพิสูจน์ลูกพี่-ลูกน้อง (first cousin)

รายละเอียดโปรแกรม

โปรแกรม PSU CalPat เป็นโปรแกรมจัดการด้านฐานข้อมูลที่เขียนขึ้นจากโปรแกรม Microsoft Access version 2003® (Microsoft® ประเทศสหรัฐอเมริกา) เพื่อใช้ในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอของหน่วยนิติเวชศาสตร์ และพิษวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ มาตั้งแต่ปี พ.ศ. 2552 โดยมีวัตถุประสงค์

- 1) เพื่อใช้คำนวณค่าทางสถิติ combined paternity index (CPI) หรือ likelihood ratio (LR) ทดแทนการคำนวณด้วยมือ หรือใช้โปรแกรมแผ่นตารางทำการ
- 2) เพื่อใช้พิมพ์ใบรายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ โดยมีการแปลผลการตรวจเป็นภาษาไทย และ
- 3) เพื่อเก็บข้อมูลรูปแบบดีเอ็นเอทั้งชนิด autosomal STR, Y-STR, X-STR และ mtDNA ไว้ในฐานข้อมูลสามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการค้นหา เปรียบเทียบรูปแบบดีเอ็นเอกับผู้ต้องสงสัยต่อไป โปรแกรมรุ่นก่อนหน้านี้ถูกจำกัดให้มีความสามารถในการคำนวณค่าทางสถิติแบบจับคู่ (duo) เท่านั้น ปัจจุบันได้พัฒนาจนถึงรุ่น 1.4 มีความสามารถในการคำนวณค่าทางสถิติได้ครอบคลุมกรณีที่ตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือด พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน 3 คน (trio)

Prior probability

โอกาสที่จะทำนายผลได้ถูกต้องจากเหตุการณ์เริ่มต้น โดยยังไม่ได้ตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ มีค่าเท่ากับ 1/n เมื่อ n = จำนวนผู้เสียชีวิตทั้งหมดในเหตุการณ์นั้น หรือจำนวนผู้ถูกกล่าวหาว่ามีความสัมพันธ์เป็นพ่อของเด็ก² ยกเว้นกรณีที่มีผู้เสียชีวิตเพียงคนเดียว หรือกรณีที่มีผู้เสียชีวิตหลายคนแต่บุคคลนั้นสามารถระบุเอกลักษณ์บุคคลได้ หรือมีผู้ถูกกล่าวหาว่ามีความสัมพันธ์เป็นพ่อของเด็กเพียงคนเดียว กรณียกเว้นเหล่านี้ prior probability จะมีค่าเท่ากับ 0.5

การคำนวณค่าทางสถิติ

- *การตรวจความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน โดยใช้ autosomal STR*

คำนวณตามสูตรของ Buckleton และคณะ³ (ตารางที่ 1)

- *การตรวจความสัมพันธ์ลุงหรืออาหรือปู่-แม่-ลูกพร้อมกัน โดยใช้ autosomal STR*

คำนวณค่าทางสถิติ avuncular index (AI)⁴ แต่ละตำแหน่ง จากสมการ

$$AI = \frac{H1}{H2} = \frac{PI+1}{2}$$

เมื่อ H1 = โอกาสที่ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพี่ (ลุง) หรือน้อง (อา) หรือพ่อ (ปู่) ของพ่อที่แท้จริงของเด็ก
 H2 = โอกาสที่บุคคลอื่นที่ไม่มีความสัมพันธ์เป็นญาติจะเป็นพ่อที่แท้จริงของเด็ก
 PI = paternity index ของแต่ละตำแหน่ง

$$CAI = \prod_i AI_i$$

เมื่อ CAI = combined avuncular index และ AI_i = avuncular index ที่ตำแหน่ง i

- *การตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิต โดยใช้ autosomal STR*

ค่าทางสถิติ incest index (II) แบบที่ตรวจพร้อมกัน 3 คน (trio) แยกได้เป็นสองกรณี ได้แก่ การตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิต

ระหว่างพ่อ-ลูกสาว หรือแม่-ลูกชาย และการตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิตระหว่างพี่-น้อง คำนวณตามสูตรจากโปรแกรม Investigator® IDproof (Qaigen® ประเทศเยอรมัน)^{4,5} (ตารางที่ 2)

กรณีที่ไม่สามารถติดตามพ่อมาตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอร่วมได้ Wenk⁶ ได้เสนอสูตรการคำนวณค่า

incest index โดยตรวจดีเอ็นเอเปรียบเทียบระหว่างแม่และเด็ก (ตารางที่ 3)

-การตรวจพิสูจน์ลูกผู้พี่-ลูกผู้น้อง โดยใช้ **autosomal STR**

คำนวณตามสูตรของ Evett และ Weir ที่อ้างอิงโดย Ayres⁷ (ตารางที่ 4)

ตารางที่ 1 สูตรคำนวณค่าทางสถิติ กรณีตรวจความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน โดยใช้ autosomal STR เมื่อกำหนดว่า แม่ ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพ่อ และพ่อที่แท้จริงของเด็ก อยู่ในประชากรย่อยกลุ่มเดียวกัน

Genotype ของแม่	Genotype ของเด็ก	Genotype ของผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพ่อ	สูตรคำนวณ paternity index (PI)
AA	AA	AA	$\frac{1+3\theta}{4\theta+(1-\theta)pA}$
AB			$\frac{1+3\theta}{3\theta+(1-\theta)pA}$
BB	AB		$\frac{1+3\theta}{2\theta+(1-\theta)pA}$
BC			
AA	AA	AB	$\frac{1+3\theta}{2(3\theta+(1-\theta)pA)}$
AB			$\frac{1+3\theta}{2(2\theta+(1-\theta)pA)}$
AC			
BB	AB		
BC			
BC	AC		$\frac{1+3\theta}{2(\theta+(1-\theta)pA)}$
CC			
CD			
AB	AB	AA	$\frac{1+3\theta}{4\theta+(1-\theta)(pA+pB)}$
		AB	
		AC	$\frac{1+3\theta}{2(3\theta+(1-\theta)(pA+pB))}$

ตารางที่ 2 สูตรคำนวณค่าสถิติ II กรณีตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมรสร่วมสายโลหิต ตรวจเปรียบเทียบดีเอ็นเอ จาก พ่อ-แม่-ลูก พร้อมกัน โดยใช้ autosomal STR

Genotype ของเด็ก	Genotype ของผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพ่อ	Genotype ของแม่	สูตรคำนวณ II กรณี พ่อ-ลูกสาว หรือ แม่-ลูกชาย	สูตรคำนวณ II กรณีพี่-น้อง
AA	AA	AA	$\frac{1}{(0.5pA+0.5)}$	$\frac{1}{(0.5pA+0.5)}$
AA	AA	AB	$\frac{1}{(pA+0.5)}$	$\frac{1}{(pA+0.5)}$
AA	AB	AA	$\frac{1}{(pA+1)}$	$\frac{1}{(pA+1)}$
AA	AB	AB	$\frac{1}{(pA+0.5)}$	$\frac{1}{(pA+0.5)}$
AA	AC	AB	$\frac{0.5}{pA}$	$\frac{0.5}{pA}$
AB	AA	AB	1	1
AB	AA	BB	คัดออก	$\frac{1}{0.5pA}$
AB	AA	BC	คัดออก	$\frac{1}{pA}$
AB	AB	AA	$\frac{1}{pB}$	$\frac{1}{pB}$
AB	AB	AB	1	1
AB	AB	BC	$\frac{0.5}{pA}$	$\frac{0.5}{pA}$
AB	AC	AB	$\frac{0.5}{(pA+pB)}$	$\frac{0.5}{(pA+pB)}$
AB	AC	BC	$\frac{0.5}{pA}$	$\frac{0.5}{pA}$
AB	AC	BD	คัดออก	$\frac{0.5}{pA}$
AB	BC	AA	คัดออก	$\frac{0.5}{pB}$

ตารางที่ 3 สูตรคำนวณค่าสถิติ II กรณีตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิต ตรวจเปรียบเทียบดีเอ็นเอระหว่างแม่-ลูก (ปราศจากพ่อ) โดยใช้ autosomal STR

Genotype ของแม่	Genotype ของลูก	สูตรคำนวณค่า II
AA	AA	$(0.5pA+0.5)/pA$
AA	AB	0.5
AB	AA	$(0.5pA+0.25)/pA$
AB	AC	0.5
AB	AB	$(0.5pA+0.5pB+0.5)/(pA+pB)$

ตารางที่ 4 สูตรคำนวณค่าทางสถิติ กรณีตรวจความสัมพันธ์ลูกผู้พี่-ลูกผู้น้อง โดยการตรวจ autosomal STR เมื่อกำหนดว่า ผู้รับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทั้งสองคนอยู่ในประชากรย่อยกลุ่มเดียวกัน

รูปแบบดีเอ็นเอที่ตรวจเปรียบเทียบ	สูตรคำนวณ LR กรณีลูกผู้พี่-ลูกผู้น้อง
AA, AA	$\frac{3}{4} + \frac{1+2\theta}{4(3\theta+(1-\theta)pA)}$
AA, AB	$\frac{3}{4} + \frac{1+2\theta}{8(2\theta+(1-\theta)pA)}$
AA, BB	$\frac{3}{4}$
AA, BC	$\frac{3}{4}$
AB, AB	$\frac{3}{4} + \frac{1+2\theta}{16(\theta+(1-\theta)pA)} + \frac{1+2\theta}{16(\theta+(1-\theta)pB)}$
AB, AC	$\frac{3}{4} + \frac{1+2\theta}{16(\theta+(1-\theta)pA)}$
AB, CD	$\frac{3}{4}$

วิจารณ์

โปรแกรม PSU CalPat รุ่นก่อนหน้านี้ กำหนดการคำนวณค่า prior probability เป็นค่าคงที่ เท่ากับ 0.5 ทำให้มีข้อจำกัดในการคำนวณค่าทางสถิติต่างๆ ได้เฉพาะเหตุการณ์ที่มีผู้เสียชีวิตเพียง 1 ศพ หรือมีผู้ถูกกล่าวหาว่ามีความสัมพันธ์ทางสายเลือดเพียง 1 คน เท่านั้น โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.4 จึงได้พัฒนาให้สามารถปรับเปลี่ยนค่า prior probability ได้ตามความต้องการของผู้ใช้งาน ทำให้โปรแกรมรุ่นนี้สามารถคำนวณค่าสถิติต่างๆ ได้ครอบคลุมการใช้งานกรณีที่เกิดพิบัติภัยหมู่ หรือกรณีที่มีผู้ถูกกล่าวหาว่ามีความสัมพันธ์ทางสายเลือดกับเด็กมากกว่า 1 คน ค่า prior probability จะถูกพิมพ์ออกมาในใบรายงานผลการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดในทุกกรณี ทำให้ผู้ใช้ผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอสามารถประเมินความน่าเชื่อถือของค่า posterior probability ได้ดียิ่งขึ้น

การตรวจความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน โดยใช้ autosomal STR ทำให้ผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอมีค่าสถิติ CPI มากกว่า 1 ล้านเท่า เปรียบเทียบกับค่า CPI ที่ได้จากการคำนวณโดยการเปรียบเทียบรูปแบบดีเอ็นเอจากพ่อ-ลูก หรือแม่-ลูก ที่มักคำนวณค่า CPI ได้น้อยกว่า 1 แสนเท่า (ข้อมูลไม่ได้ตีพิมพ์ หน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยา คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์) นอกจากนี้การตรวจเปรียบเทียบรูปแบบดีเอ็นเอของพ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน มีความไวในการตรวจจับการกลายพันธุ์ (mutation) ได้ไวกว่าการตรวจเปรียบเทียบรูปแบบดีเอ็นเอจากพ่อ-ลูก หรือแม่-ลูก จึงทำให้การตรวจความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกันมีความถูกต้องน่าเชื่อถือสูงขึ้น

การรายงานผลการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน ได้มีการปรับปรุงให้มีรายละเอียดในการแปลผลมากยิ่งขึ้น ได้แก่ 1) เปรียบเทียบความเข้ากันได้ของรูปแบบดีเอ็นเอระหว่างพ่อกับลูก 2) เปรียบเทียบความเข้ากันได้ของรูปแบบดีเอ็นเอระหว่างแม่กับลูก 3) สรุปความเชื่อมั่นของการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอจากค่าสถิติ posterior probability โดยมีการระบุข้อ

สันนิษฐานเบื้องต้นของการคำนวณไว้อย่างชัดเจน^๑ รูปแบบการรายงานผลการตรวจแบบใหม่นี้ ช่วยให้ผู้อ่านผลการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูก ทำความเข้าใจผลการตรวจและทราบข้อจำกัดของการใช้ค่าสถิติในการแปลผลการตรวจได้ดียิ่งขึ้น

การคำนวณ avuncular index มีการเพิ่มเติมวิธีการคำนวณให้สามารถคำนวณจากความสัมพันธ์ลุงหรืออาหรือปู่-แม่-ลูก พร้อมกัน ทำให้ได้ค่าสถิติ CAI หรือ LR ที่มีค่าสูงกว่าวิธีการคำนวณโดยการเปรียบเทียบรูปแบบดีเอ็นเอจากลุงหรืออาหรือปู่-หลานเท่านั้น จึงทำให้วิธีการคำนวณค่า CAI หรือ LR จากลุงหรืออาหรือปู่-แม่-ลูกพร้อมกันมีความน่าเชื่อถือและความถูกต้องสูงกว่าการคำนวณแบบเดิมค่อนข้างมาก นอกจากนั้นค่าสถิติ CAI สามารถนำไปใช้เปรียบเทียบกับค่า CPI เพื่อหาว่า หากชายผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพ่อของเด็ก ไม่ใช่พ่อที่แท้จริงของเด็กแล้ว โอกาสที่ชายผู้นี้จะเป็นลุงหรืออาหรือปู่ของเด็กมีค่าเป็นกี่เท่าของการที่ชายผู้นี้จะเป็นพ่อของเด็ก ซึ่งเป็นประโยชน์กับผู้ใช้งานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอให้เข้าใจความสัมพันธ์ของผู้รับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอมากยิ่งขึ้น

การตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิต (incest) มักแบ่งการตรวจเปรียบเทียบเป็นสองขั้นตอน ได้แก่ ขั้นตอนแรก เป็นการตรวจพิสูจน์ว่าผู้ถูกกล่าวหาที่มีความสัมพันธ์เป็นญาติใกล้ชิดกัน เช่น พ่อ (ใช้ค่าสถิติ CPI) พี่หรือน้อง (ใช้ค่าสถิติ LR) กับแม่ของเด็ก และขั้นที่สองเป็นการตรวจพิสูจน์ว่าผู้ถูกกล่าวหาที่มีความสัมพันธ์เป็นพ่อของเด็ก โดยใช้ค่าสถิติ CPI ต่อมา Minakata และคณะ^๕ ได้เสนอสูตรคำนวณโอกาสที่แม่ของเด็กจะเป็นลูกของผู้ถูกกล่าวหาพร้อมกับเด็กเป็นลูกของผู้ถูกกล่าวหา เรียกว่า incest index (II) แยกได้เป็นสองกรณี ได้แก่ 1) กรณีความสัมพันธ์พ่อ-ลูกสาวหรือแม่-ลูกชาย 2) กรณีความสัมพันธ์พี่-น้องร่วมพ่อ-แม่เดียวกัน การคำนวณค่าสถิติ II จะได้ค่าทางสถิติเพียงค่าเดียวซึ่งสามารถใช้อธิบายทั้งสองเหตุการณ์ได้ในเวลาเดียวกัน แต่การใช้งานจากค่าสถิตินี้ค่อนข้างน้อย เนื่องจากอุบัติการณ์การสมสู่ร่วมสายโลหิตในทุกสังคม

ค่อนข้างน้อย ประมาณร้อยละ 0.5-3.7⁹⁻¹² และโอกาสที่กลุ่มคนเหล่านี้จะมีลูกที่เกิดจากความสัมพันธ์ระหว่างเครือญาติใกล้ชิดยิ่งพบน้อยลงกว่าอุบัติการณ์ที่รายงานไว้ค่อนข้างมาก อย่างไรก็ตามพบว่ามีการรายงานลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิตเป็นกรณีศึกษาบ้างเป็นครั้งคราว¹³⁻¹⁵ กรณีที่ไม่สามารถติดตามพ่อแม่มาตรวจเปรียบเทียบได้ Wenk เสนอสูตรคำนวณ II จากการเปรียบเทียบดีเอ็นเอระหว่างแม่-ลูก เพื่อใช้พิสูจน์ว่าแม่มีความสัมพันธ์ทางเพศกับญาติใกล้ชิดระดับที่หนึ่ง (first degree relative) ได้แก่ พ่อที่แท้จริงหรือพี่ชาย-น้องชายของแม่ การคำนวณค่าทางสถิติ II ด้วยวิธีของ Wenk จะมีค่าน้อยกว่าค่าที่คำนวณได้จากวิธีของ Minakata อย่างไรก็ตามวิธีคำนวณค่า II ของ Wenk เป็นอีกทางเลือกหนึ่งที่ช่วยอธิบายเหตุการณ์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิตได้ แม้จะไม่มีพ่อแม่มาตรวจเปรียบเทียบดีเอ็นเอด้วยก็ตาม

การใช้ค่าสถิติ LR ในการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์เครือญาติ ซึ่งรวมถึงพี่-น้องร่วมพ่อแม่เดียวกัน พี่-น้องร่วมพ่อเดียวกันคนละแม่ หรือแม่เดียวกันคนละพ่อ ลุง-หลาน ปู่-หลาน ลูกผู้พี่-ลูกผู้น้อง มีข้อพึงระวังในการใช้งาน เนื่องจากอาจมีผลบวกหลง หรือผลลบหลงได้ ทั้งนี้จำเป็นต้องพิจารณาปัจจัยอื่นร่วมด้วย เช่น 1) ระดับการตัดสินใจของค่า LR (cut-off value) ที่อาจมีค่าอยู่ระหว่าง 1-99 เท่า¹⁶ 2) จำนวนตำแหน่งที่ตรวจการเพิ่มตำแหน่งที่ตรวจมากยิ่งขึ้น ทำให้ได้ค่าความถูกต้องเพิ่มสูงขึ้น¹⁷ 3) ค่าสัมประสิทธิ์การมีบทบาทาร่วม ซึ่งเป็นค่าที่ปรับให้ค่า LR ที่คำนวณได้มีค่าลดลง⁷ ดังนั้นผู้ใช้งานการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอสำหรับตรวจความสัมพันธ์เครือญาติ อาจต้องพิจารณาค่า LR กรณีต่างๆ ร่วมกัน เพื่อประกอบการตัดสินใจว่าผู้รับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ นั้นมีความสัมพันธ์เครือญาติแบบใด การใช้ค่าสถิติ LR แบบจำเพาะบางกรณี เช่น คำนวณค่า LR เฉพาะกรณีพี่-น้องร่วมพ่อเดียวกันคนละแม่ หรือแม่เดียวกันคนละพ่อ หรือลูกผู้พี่-ลูกผู้น้อง โดยไม่พิจารณาค่าสถิติ LR ทุกกรณีร่วมกัน อาจทำให้แปลผลการตรวจความสัมพันธ์เครือญาติผิดพลาดได้

ผู้พัฒนาโปรแกรมตั้งใจให้โปรแกรม PSU CalPat เป็นโปรแกรมที่แจกฟรี และได้มอบลิขสิทธิ์สิทธิ์ในการใช้และเผยแพร่โปรแกรมนี้ให้แก่เครือข่ายนิติพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย ผู้สนใจสามารถติดต่อขอรับโปรแกรมนี้ได้จากผู้พัฒนา (mitojin@live.com หรือ sukone.p@psu.ac.th)

สรุป

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.4 ได้มีการพัฒนาให้มีความสามารถใหม่หลายประการ ได้แก่ การปรับปรุงให้สามารถเปลี่ยนแปลงค่า prior probability และมีการปรับปรุงให้มีความสามารถในการคำนวณค่าทางสถิติสำหรับงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอกรณีต่างๆเพิ่มเติม เช่น การตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน การตรวจความสัมพันธ์สูงหรืออาหรือปู่-แม่-ลูก การตรวจพิสูจน์ลูกที่เกิดจากการสมสู่ร่วมสายโลหิต และการตรวจพิสูจน์ลูกผู้พี่-ลูกผู้น้อง ดังนั้นโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.4 จึงเป็นอีกหนึ่งโปรแกรมที่เป็นทางเลือกที่น่าสนใจ สำหรับงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์

กิตติกรรมประกาศ

ผู้เขียนขอขอบพระคุณ ศาสตราจารย์นายแพทย์ ธานีธร์ ภูพัฒน์ ที่อบรมให้ความรู้ทางสถิติในงานนิติเวชศาสตร์สำหรับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ ตลอดจนให้คำปรึกษาด้านสถิติในงานนิติเวชศาสตร์ด้วยดีเสมอมา และขอขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์บุษบา ฤกษ์อำนาจโชค ที่อนุญาตให้ใช้ความถี่แอลลีลประชากรไทยเพื่อคำนวณค่าทางสถิติกรณีต่างๆในโปรแกรม PSU CalPat ตั้งแต่รุ่น 1.2 จนถึงปัจจุบัน

เอกสารอ้างอิง

1. Pradutkanchana S, Pradutkanchana J, Suwit Rueangkittisakul. Database software for analysis of statistical values in forensic DNA typing. Songkla Med J 2011; 29: 143 - 53.

2. Evett IW, Weir BS. Interpreting DNA evidence: statistical genetics for forensic scientists. Sunderland: Sinauer Associates; 1998; p.39 - 41.
3. Buckleton J, Clayton T, Triggs C. Parentage testing. In: Buckleton J, Triggs CM, Walsh SJ, editors. Forensic DNA evidence interpretation. Washington: CRS Press; 2005; p.341 - 94.
4. Qiagen.com. Investigator® IDproof Calculation Guide [homepage on the Internet]. Hilden: Qiagen, Inc. [cited 2013 Jan 08]. Available from: <http://www.qiagen.com/resources/Download.aspx?id=426e5bceb9de-4430-a7b8-68a6c2d85ec4&lang=en&ver=1>
5. Minakata K, Ishitani A, Ito N, et al. Paternity probability in the cases of incest. *Nihon Hoigaku Zasshi* 1996; 50: 149 - 55.
6. Wenk RE. Incest indices from microsatellite genotypes of mother-child pairs. *Transfusion* 2008; 48: 341 - 8.
7. Ayres KL. Relatedness testing in subdivided populations. *Forensic Sci Int* 2000; 114: 107 - 15.
8. Pradutkanchana S, Pradutkanchana J, Suwit Rueangkittisakul. The new function of PSU CalPat version 1.3: the estimation of forensic statistic values in non-excluded trio paternity testing. *Songkla Med J* 2013; 31: In press.
9. Kosky R. Incest: what do we really know about it? *Aust N Z J Psychiatry* 1987; 21: 430 - 40.
10. Russell DE. The incidence and prevalence of intra-familial and extrafamilial sexual abuse of female children. In: Walker LE, editor. Handbook on sexual abuse of children: assessment and treatment issues. New York: Springer; 1988; p.19 - 36.
11. Sariola H, Uutela A. The prevalence and context of incest abuse in Finland. *Child Abuse Negl* 1996; 20: 843 - 50.
12. Kim HS, Kim HS. Incestuous experience among Korean adolescents: prevalence, family problems, perceived family dynamics, and psychological characteristics. *Public Health Nurs* 2005; 22: 472 - 82.
13. Osman C, Ozcan ME, Özdemir B. Peternal and sibling incest: a case report. *J Clin forensic Med* 2006; 13: 37 - 40.
14. Macan M, Uvodic P, Botica V. Paternity testing in case of brother-sister incest. *Croatian Med J* 2003; 44: 347 - 9.
15. Jakovski Z, Jankova R, Nikolova K, et al. Forensic DNA expertise of incest in early period of pregnancy. *J Forensic Leg Med* 2011; 18: 34 - 7.
16. Bhoopat T, Bhoopat L, Sridoungkeaw S. Microsatellite DNA testing for sibling determination in northern Thai population. *J Forensic Physician Assoc Thai* 2008; 2: 12 - 24.
17. Gaytmenn R, Hildebrand DP, Sweet D, et al. Determination of the sensitivity and specificity of sibship calculations using AmpF/STR Profiler Plus. *Int J Legal Med* 2002; 116: 161 - 4.