

# โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3: การคำนวณค่าทางสถิติในงานนิติเวชศาสตร์สำหรับตรวจความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูก

สุคนธ์ ประดุกกาญจนา\*

จินตนา ประดุกกาญจนา

สุวิทย์ เรืองกิตติสกุล

## The New Function of PSU CalPat Version 1.3: The Estimation of Forensic Statistic Values in Paternity Trio Test.

Sukone Pradutkanchana, Jintana Pradutkanchana, Suwit Rueangkittsakul  
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(5):227-234

### บทคัดย่อ:

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 ได้พัฒนาให้มีความสามารถในการคำนวณค่าทางสถิติในการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ เพื่อดูความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูก ซึ่งเป็นความสัมพันธ์ที่มีการใช้งานค่อนข้างบ่อย และค่าทางสถิติมีความถูกต้อง น่าเชื่อถือ สูงกว่าการตรวจความสัมพันธ์พ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก เพียงอย่างเดียว โดยเลือกข้อมูลรูปแบบดีเอ็นเอชนิดโครโมโซมร่างกายจำนวน 15 ตำแหน่ง ในฐานข้อมูลของหน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ รวม 110 ครอบครัว แบ่งออกเป็น 4 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่ผลการตรวจดีเอ็นเอของพ่อ-แม่-ลูกเข้ากันได้ จำนวน 50 ครอบครัว กลุ่มที่ผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้าไม่ได้กับพ่อแต่เข้ากันได้กับแม่ จำนวน 20 ครอบครัว กลุ่มที่ผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้าไม่ได้กับแม่แต่เข้ากันได้กับพ่อ จำนวน 20 ครอบครัว และกลุ่มที่ผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้าไม่ได้กับพ่อและแม่ จำนวน 20 ครอบครัว คิดเป็นตำแหน่งที่เปรียบเทียบรวม 1,650 ตำแหน่ง นำมาเปรียบเทียบค่า paternity index ของแต่ละตำแหน่งที่คำนวณด้วยโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 เปรียบเทียบกับค่าเดียวกันที่คำนวณด้วยโปรแกรมแผ่น

ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา 90110

รับต้นฉบับวันที่ 27 ธันวาคม 2555 รับลงตีพิมพ์วันที่ 1 เมษายน 2556

ตารางทำการ พบว่า ทุกตำแหน่งที่มีการเปรียบเทียบมีการเลือกใช้สูตรคำนวณที่ถูกต้อง และมีผลการคำนวณตรงกัน คิดเป็นความถูกต้องร้อยละ 100.0 นอกจากนั้นโปรแกรมนี้ยังสามารถพิมพ์ใบรายงานผลการตรวจวิเคราะห์เป็นภาษาไทยโดยมีการแปลผลการทดสอบร่วมกับการรายงานค่าทางสถิติด้านนิติเวชศาสตร์ที่จำเป็น โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 จึงเป็นอีกทางเลือกหนึ่งที่เหมาะสมในการใช้งานด้านการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ในประเทศไทย

**คำสำคัญ:** PSU CalPat รุ่น 1.3, การตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ, ค่าทางสถิติ, นิติเวชศาสตร์, พ่อ-แม่-ลูก

## Abstract:

PSU CalPat version 1.3 has a new function for calculating forensic statistic values in common paternity trio test, which has a high accuracy and high reliability than those of paternity duos test. A set of 15 loci of autosomal deoxyribonucleic acid (DNA) profiles from 110 families were selected from the database in the Forensic Medicine and Toxicology Unit, Department of Pathology, Faculty of Medicine, Prince of Songkla University. Our study was divided into 4 groups: 50 families from the non-excluded trio of paternal, maternal and child, 20 families from non-excluded duo of maternal and child except paternal, 20 families from non-excluded duo of paternal and child except maternal and 20 families from excluded paternal, excluded maternal and child. A total of 1,650 loci were compared. The paternity index values calculated by the PSU CalPat version 1.3 were compared with those calculated by Microsoft Excel<sup>®</sup>. All compared loci showed the same results. In addition, the report was available to print in the Thai language that included the result's interpretation with necessary forensic statistic values. PSU CalPat version 1.3 is an alternative database software for using in forensic DNA typing in Thailand.

**Keywords:** DNA typing, forensic, PSU CalPat version 1.3, statistic values, trio paternity testing

## บทนำ

โปรแกรม PSU CalPat<sup>1</sup> เป็นโปรแกรมการจัดการฐานข้อมูลสำหรับคำนวณค่าทางสถิติพื้นฐานทางนิติเวชศาสตร์ในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอกรณีต่างๆ เช่น การตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล การตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด เช่น พ่อ-ลูก แม่-ลูก พี่-น้อง และอื่นๆ โดยสามารถเก็บข้อมูลดีเอ็นเอได้หลายชนิด ได้แก่ auto-somal short tandem repeat (STR), Y-STR, X-STR และ mitochondrial deoxyribonucleic acid

(mt DNA) เป็นต้น โปรแกรมนี้จะคำนวณค่าทางสถิติที่จำเป็น ได้แก่ paternity index หรือ likelihood ratio ร่วมกับค่า posterior probability โดยคำนวณจากค่าความถี่อัลลีลของประชากรไทย ทำให้ได้ค่าทางสถิติที่ถูกต้อง เหมาะสมกับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอในประชากรไทย สามารถพิมพ์ใบรายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอกรณีต่างๆได้ ตลอดจนมีการแปลผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอขั้นต้น ทำให้ผู้ใช้มีความสะดวก รวดเร็วในการรายงานผลการทดสอบมากยิ่งขึ้น

อย่างไรก็ตามโปรแกรม PSU CalPat ยังขาดความสามารถในการคำนวณค่าทางสถิติในงานตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน (non-excluded trio case) ซึ่งเป็นความสัมพันธ์ที่มีการใช้งานค่อนข้างบ่อย ค่าทางสถิติมีความถูกต้อง น่าเชื่อถือสูงกว่าการตรวจความสัมพันธ์ พ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก (non-excluded duo case) ดังนั้นจึงมีการพัฒนาโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 ให้มีความสามารถดังกล่าว เพื่อให้ครอบคลุมการใช้งานด้านการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอในงานนิติเวชศาสตร์มากยิ่งขึ้น

**วัสดุและวิธีการ**

**สูตรคำนวณ**

คำนวณตามสูตรของ Buckleton และคณะ<sup>2</sup> (ตารางที่ 1) โดยกำหนดเงื่อนไขผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพ่อและแม่ที่แท้จริงต้องอยู่ในกลุ่มประชากรย่อยเดียวกัน (same subpopulation) หรือมีเชื้อชาติเดียวกัน (same race) กรณีที่ผลการตรวจดีเอ็นเอที่ตำแหน่งใดๆ ของลูกเข้าไม่ตรงกับผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพ่อ หรือผู้อ้างว่าเป็นแม่ การคำนวณค่าทางสถิติที่ตำแหน่งนั้นจะใช้สูตรคำนวณแบบเกิดการกลายพันธุ์ แบบ simple model of mutation<sup>3</sup>

**ตารางที่ 1** สูตรคำนวณค่าทางสถิติในการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ พ่อ-แม่-ลูก กรณีที่ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพ่อและแม่ที่แท้จริงอยู่ในกลุ่มประชากรย่อยเดียวกันหรือมีเชื้อชาติเดียวกัน

รูปแบบดีเอ็นเอ			Paternity index (PI)	สูตรที่
แม่	ลูก	พ่อ		
AA	AA	AA	$\frac{1+3\theta}{4\theta+(1-\theta)pA}$	1
AB			$\frac{1+3\theta}{3\theta+(1-\theta)pA}$	2
BB			AA	$\frac{1+3\theta}{2\theta+(1-\theta)pA}$
BC	AB	$\frac{1+3\theta}{2(3\theta+(1-\theta)pA)}$		4
AA		$\frac{1+3\theta}{2(2\theta+(1-\theta)pA)}$	5	
AB		AC	$\frac{1+3\theta}{2(\theta+(1-\theta)pA)}$	6
AC				
BB				
BC				
CD				
AB	AB	AA	$\frac{1+3\theta}{4\theta+(1-\theta)(pA+pB)}$	7
		AB		
		AC		

### ความถี่อัลลีลประชากรไทย

คำนวณโดยใช้ค่าความถี่อัลลีลจากฐานข้อมูลความถี่อัลลีลประชากรไทยจากทุกภูมิภาค จำนวนรวม 929 คน<sup>4</sup> กรณีที่ไม่พบอัลลีลในฐานข้อมูลนี้ ค่าทางสถิติจะถูกคำนวณจากค่าความถี่อัลลีลน้อยที่สุด (minimum allele frequency; MAF) ตามข้อกำหนดของ National Research Council (NRC) II<sup>5</sup> โดยใช้สูตร  $MAF = 5/(2N)$  เมื่อ N เป็นจำนวนข้อมูลในฐานข้อมูล

### กลุ่มประชากร

ข้อมูลรูปแบบดีเอ็นเอชนิดโครโมโซมร่างกาย (autosomal STR) จำนวน 15 ตำแหน่ง ได้แก่ D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1PO, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818 และ FGA ที่เก็บไว้ในฐานข้อมูลของหน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยาภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ แบ่งประชากรออกเป็น 4 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่มีผลการตรวจดีเอ็นเอของพ่อ-แม่-ลูกเข้ากันได้ จำนวน 50 ครอบครัว กลุ่มที่มีผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้ากันไม่ได้กับพ่อแต่เข้ากันได้กับแม่ จำนวน 20 ครอบครัว กลุ่มที่มีผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้ากันไม่ได้กับแม่แต่เข้ากันได้กับพ่อ จำนวน 20 ครอบครัว และกลุ่มที่มีผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้ากันไม่ได้กับพ่อและแม่ จำนวน 20 ครอบครัว รวมทั้งสิ้น 110 ครอบครัว คิดเป็นตำแหน่ง (loci) ที่เปรียบเทียบรวม 1,650 ตำแหน่ง

### การประเมินความถูกต้องของการคำนวณ

เปรียบเทียบค่า paternity index ของแต่ละตำแหน่งที่คำนวณได้จากโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 กรณีงานตรวจความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกันกับค่า paternity index ที่คำนวณได้จากโปรแกรมแผ่นตารางทำการ (Microsoft Excel<sup>®</sup> รุ่น 2013, Microsoft, ประเทศสหรัฐอเมริกา) โดยประมาณค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วม ( $\theta$ : theta) เท่ากับ 0.01 และค่า prior probability เท่ากับ 0.5

### ผลการศึกษา

จากการเปรียบเทียบค่า paternity index ที่คำนวณได้จากการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกันรวมจำนวน 110 ครอบครัว ด้วยโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 กับค่าที่คำนวณได้จากโปรแกรม Microsoft Excel<sup>®</sup> พบว่า ในทุกสูตรคำนวณทั้งกรณีผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้ากันได้กับพ่อและแม่ (สูตรคำนวณที่ 1-8) และกรณีที่ผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้ากันไม่ได้กับพ่อ และ/หรือ แม่ (กรณีคัดพ่อออก คัดแม่ออก และคัดออกทั้งพ่อและแม่) ผลการคำนวณค่า paternity index ให้ผลตรงกันในทุกกรณี คิดเป็นความถูกต้องร้อยละ 100.0 (ตารางที่ 2)

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 จะทำการแปลผลการทดสอบเบื้องต้นไว้ในใบรายงานผลการตรวจวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดกรณีพ่อ-แม่-ลูก (ตารางที่ 3)

### วิจารณ์

การพัฒนาโปรแกรมคอมพิวเตอร์เพื่อใช้งานด้านการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ จำเป็นต้องให้ความสำคัญกับค่าทางสถิติที่ใช้คำนวณเป็นอย่างมาก เนื่องจากการตัดสินใจว่าชายผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพ่อจะเป็นพ่อที่แท้จริงของเด็กหรือไม่ ขึ้นอยู่กับค่า paternity index และ posterior probability ที่คำนวณได้ สำหรับกรณีที่มีการตรวจความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกันค่า paternity index จะเป็นค่าที่มีความซับซ้อนในการคำนวณค่อนข้างมาก มีสูตรคำนวณมากถึง 8 สูตร ขึ้นกับรูปแบบการถ่ายทอดอัลลีลจากพ่อไปยังลูกและจากแม่ไปยังลูก ดังนั้นการเลือกใช้สูตรในแต่ละกรณี การแทนค่าความถี่อัลลีลทั้งในกรณีที่พบความถี่อัลลีลนั้นๆ ในฐานข้อมูล หรือการที่ไม่พบความถี่อัลลีลนั้นๆ ในฐานข้อมูล ล้วนเป็นปัจจัยที่ทำให้การคำนวณค่าทางสถิติในแต่ละโปรแกรมได้ค่าที่แตกต่างกัน ดังนั้นเมื่อมีการพัฒนาโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 ให้มีความสามารถในการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกันจึงจำเป็นต้องเปรียบเทียบค่า paternity index ที่คำนวณได้จากโปรแกรมนี้นับกับค่าเดียวกันที่คำนวณได้จากโปรแกรม

Microsoft Excel ซึ่งพบว่า ค่า paternity index ที่คำนวณได้จากโปรแกรมทั้งสองมีความถูกต้องตรงกัน ร้อยละ 100 ในทุกกรณี

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 มีการปรับปรุงให้สามารถปรับเปลี่ยนค่า prior probability ได้โดยพิมพ์จำนวนผู้ที่เสียชีวิต หรือจำนวนผู้ถูกกล่าวหาว่ามีความสัมพันธ์ทางสายเลือดลงในช่องว่าง โปรแกรมจะคำนวณค่า prior probability ให้ ทำให้โปรแกรม

PSU CalPat รุ่น 1.3 สามารถใช้คำนวณค่าทางสถิติกรณีที่เกิดพิบัติภัยหมู่และมีผู้เสียชีวิตมากกว่า 1 คน หรือมีผู้ถูกกล่าวหาว่ามีความสัมพันธ์ทางสายเลือดมากกว่า 1 คนได้ หากผู้ใช้ไม่แก้ไขจำนวนผู้ที่เสียชีวิตหรือจำนวนผู้ถูกกล่าวหาว่ามีความสัมพันธ์ทางสายเลือด โปรแกรมจะคำนวณค่า prior probability โดยใช้ค่าเริ่มต้นเท่ากับ 0.5 ซึ่งเป็นการคำนวณค่าทางสถิติในกรณีที่ไม่มีผู้เสียชีวิตเพียงรายเดียวหรือมีผู้ถูกกล่าวหาว่า

ตารางที่ 2 เปรียบเทียบการคำนวณค่า paternity index ที่ได้จากโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 และ Microsoft Excel จากการตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือด พ่อ-แม่-ลูก โดยวิเคราะห์จาก autosomal STR จำนวน 15 ตำแหน่ง ต่อ 1 ครอบครัว

สูตรคำนวณที่*	กลุ่มที่ 1**	กลุ่มที่ 2***	กลุ่มที่ 3****	กลุ่มที่ 4*****	รวม	เปรียบเทียบผลการคำนวณระหว่างโปรแกรม PSU CalPat กับ Microsoft Excel		
						ผลตรงกัน	ผลไม่ตรงกัน	ความถูกต้อง (ร้อยละ)
1	16	1	2	0	19	19	0	100
2	28	5	2	2	37	37	0	100
3	95	7	12	4	118	118	0	100
4	30	10	5	0	45	45	0	100
5	83	12	18	5	118	118	0	100
6	386	52	72	30	540	540	0	100
7	46	8	6	6	66	66	0	100
8	66	24	5	16	111	111	0	100
คัดพ่อออก	0	181	0	99	280	280	0	100
คัดแม่ออก	0	0	178	72	250	250	0	100
คัดออกทั้งพ่อและแม่	0	0	0	66	66	66	0	100
<b>รวม</b>	<b>750</b>	<b>300</b>	<b>300</b>	<b>300</b>	<b>1,650</b>	<b>1,650</b>	<b>0</b>	<b>100</b>

\*สูตรคำนวณที่อ้างอิงจากตารางที่ 1

\*\*กลุ่มที่มีผลการตรวจดีเอ็นเอของพ่อ-แม่-ลูกเข้ากันได้

\*\*\*กลุ่มที่มีผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้ากันไม่ได้กับพ่อ แต่เข้ากันได้กับแม่

\*\*\*\*กลุ่มที่มีผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้ากันไม่ได้กับแม่ แต่เข้ากันได้กับพ่อ

\*\*\*\*\*กลุ่มที่มีผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้าไม่ได้กับพ่อและแม่

ตารางที่ 3 รูปแบบการแปลผลการตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือด พ่อ-แม่-ลูก พร้อมกัน

การแปลผลการทดสอบ	รายละเอียด
1. ผลการตรวจดีเอ็นเอของพ่อ-แม่-ลูกเข้ากันได้	- นาย ก. ไม่ถูกคัดออกจากการเป็นพ่อของ ด.ช. ข. - นาง ค. ไม่ถูกคัดออกจากการเป็นแม่ของ ด.ช. ข. - กรณีที่เชื่อว่า นาง ค. เป็นแม่ของ ด.ช. ข. ความเชื่อมั่นที่ นาย ก. เป็นพ่อของ ด.ช. ข. เท่ากับร้อยละ xx.xxxxxxxx* เมื่อคำนวณจากฐานข้อมูลประชากรไทย โดยสันนิษฐานค่า prior probability = 0.5 และ theta = 0.01
2. ผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้ากันไม่ได้กับพ่อ แต่เข้ากันได้กับแม่	- นาย ก. ไม่ใช่พ่อของ ด.ช. ข. โดยมีตำแหน่งที่เข้ากันไม่ได้รวม x** ตำแหน่ง ได้แก่ ..... - นาง ค. ไม่ถูกคัดออกจากการเป็นแม่ของ ด.ช. ข.
3. ผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้ากันไม่ได้กับแม่ แต่เข้ากันได้กับพ่อ	- นาย ก. ไม่ถูกคัดออกจากการเป็นพ่อของ ด.ช. ข. - นาง ค. ไม่ใช่แม่ของ ด.ช. ข. โดยมีตำแหน่งที่เข้ากันไม่ได้รวม x** ตำแหน่ง ได้แก่ .....
4. ผลการตรวจดีเอ็นเอของลูกเข้าไม่ได้กับพ่อและแม่	- นาย ก. ไม่ใช่พ่อของ ด.ช. ข. โดยมีตำแหน่งที่เข้ากันไม่ได้รวม x** ตำแหน่ง ได้แก่ ..... - นาง ค. ไม่ใช่แม่ของ ด.ช. ข. โดยมีตำแหน่งที่เข้ากันไม่ได้รวม x** ตำแหน่ง ได้แก่ .....

\* หมายถึงค่า posterior probability กำหนดเป็นเลขทศนิยม 8 ตำแหน่ง

\*\* แสดงจำนวนตำแหน่งที่เข้ากันไม่ได้

เป็นพ่อของเด็กเพียง 1 คนเท่านั้น นอกจากนั้นผู้ใช้งานโปรแกรมนี้ยังสามารถปรับเปลี่ยนค่าสัมประสิทธิ์การมีบุตรกรรร่วมได้ (ค่าอยู่ระหว่าง 0.00-1.00 กำหนดค่าเริ่มต้นในประชากรไทยเท่ากับ 0.01) จึงทำให้โปรแกรมนี้สามารถคำนวณค่าทางสถิติในประชากรกลุ่มย่อย (sub-population) ได้ละเอียดและถูกต้องมากยิ่งขึ้น

นอกจากนั้นโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 ยังสามารถพิมพ์ใบรายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอกรณีที่ตรวจพ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน โดยมีการแปลผลการตรวจเป็นภาษาไทย แยกเป็น 4 กลุ่ม แต่ละกลุ่มมีการแปลผลของทั้งผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพ่อ และบุคคลที่อ้างว่า

เป็นแม่ที่แท้จริงเทียบกับเด็ก (ตารางที่ 3) การแปลผลลักษณะนี้ไม่ปรากฏในโปรแกรมคำนวณด้านการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเออื่น<sup>6,7</sup> สำหรับการใช้ค่า “กรณีที่เชื่อว่า นาง ค. เป็นแม่ของเด็กชาย ข. ความเชื่อมั่นที่ นาย ก. เป็นพ่อของ ด.ช. ข. เท่ากับร้อยละ xx.xxxxxxxx” เป็นการระบุข้อสันนิษฐานของการคำนวณให้ชัดเจนยิ่งขึ้น เพื่อให้ผู้อ่านผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอได้เข้าใจพื้นฐานการประมาณค่าทางสถิติได้ดียิ่งขึ้น แตกต่างจากรายงานทั่วไปที่มักจะระบุเพียงคำว่า “ความเชื่อมั่นที่นาย ก. เป็นพ่อของเด็กชาย ข. เท่ากับร้อยละ xx.xxxxxxxx”

ตารางที่ 4 เปรียบเทียบการทำงานของโปรแกรมคำนวณค่าทางสถิติในการตรวจพิสูจน์ได้เอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์

ชื่อโปรแกรม	การดู	Trio	Duo	Grandparent	Complicated	Kinship	Mutation	Null allele	Simulation	Theta	LR formula	Interpretation	User friendliness	ข้อจำกัด	อื่นๆ
1. PSU CalPat	ฟรี	x	x	x		x	x	x		x	x	x	x	ใช้ความถี่อัลลีลคนไทย	Y-STR, mtDNA, X-STR
2. DNASat	ขาย	x	x				x	x		x			x	ภาษา Polish	
3. DNA-View	ขาย	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x		x		Y-STR, X-STR, mixture
4. EasyDNA	ขาย	x	x	x	x	x							x		mixture
5. EasyPat	ฟรี	x	x			x									
6. Familias	ฟรี	x	x	x	x	x	x	x		x			x		
7. GenoProof	ขาย	x	x	x		x	x						x		X-STR, Y-STR, mixture
8. Genotype	ขาย	x	x	x	x	x	x	x					x		
9. Hugin	ขาย	x	x	x	x	x	x	x	x	x					
10. PatCan	ฟรี	x	x	x		x	x						x		
11. Patern	ฟรี	x													
12. Paternity	ขาย	x	x	x	x	x	x	x	x		x		x		
13. PatPCR	ฟรี	x	x	x									x	ใช้ความถี่อัลลีลคนสเปน	
14. Calculation of the pedigree probability	ฟรี	x	x	x	x	x					x		x	ภาษา Czech	

เมื่อเปรียบเทียบความสามารถในการทำงานของโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 กับโปรแกรมคำนวณค่าทางสถิติในการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์อื่นๆ พบว่า โปรแกรม PSU CalPat มีความสามารถในการคำนวณค่าทางสถิติได้ครอบคลุมงานด้านนิติเวชศาสตร์ เช่น 1) ตรวจความสัมพันธ์พ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน 2) ตรวจความสัมพันธ์พ่อ-ลูก หรือแม่-ลูก 3) ตรวจความสัมพันธ์พี่-น้อง 4) ตรวจความสัมพันธ์กึ่งพี่น้อง 5) ตรวจความสัมพันธ์ญาติร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน 6) ตรวจความสัมพันธ์ญาติร่วมบรรพบุรุษสายพ่อเดียวกัน 7) ตรวจความสัมพันธ์พี่สาว-น้องสาวร่วมพ่อเดียวกัน หรือย่า-หลานสาว 8) การตรวจเอกลักษณ์บุคคล การคำนวณค่าทางสถิติเหล่านี้ครอบคลุมเงื่อนไขกรณีต่างๆ เช่น 1) เกิดการกลายพันธุ์ 2) ไม่พบอัลลีลนั้นๆ ในฐานข้อมูล หรืออัลลีลนั้นๆ มีความถี่อัลลีลที่น้อยมาก 3) กำหนดค่าสัมประสิทธิ์การมีบุตรร่วม และ 4) กำหนดค่า prior probability จึงทำให้โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 สามารถใช้งานด้านการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอในงานนิติเวชศาสตร์ได้เทียบเท่าหรือดีกว่าโปรแกรมคำนวณค่าทางสถิติในการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์อื่นๆที่มีการใช้งานอยู่ในปัจจุบัน<sup>6-8</sup> (ตารางที่ 4)

อย่างไรก็ตามโปรแกรม PSU CalPat ยังมีข้อจำกัดด้านการใช้งานบางประการ เช่น โปรแกรมนี้คำนวณค่าทางสถิติจากความถี่อัลลีลของประชากรไทย จึงเหมาะสมที่จะใช้งานกับประชากรไทยเท่านั้น หากผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพ่อของเด็กเป็นคนเชื้อชาติอื่นที่ไม่ใช่คนไทย ค่าทางสถิติที่คำนวณได้ด้วยโปรแกรมนี้อาจผิดพลาดได้ นอกจากนี้โปรแกรมนี้ยังไม่สามารถคำนวณค่าทางสถิติกรณีที่มีรูปแบบดีเอ็นเอผสม (mixture profile) ได้ จึงจำเป็นต้องพัฒนาต่อไป

## สรุป

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.3 เป็นโปรแกรมที่พัฒนาเพิ่มเติมให้มีความสามารถด้านการคำนวณค่าทางสถิติ ในการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทาง

สายเลือดพ่อ-แม่-ลูกพร้อมกัน และยังสามารถพิมพ์ใบรายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอเป็นภาษาไทย โดยแสดงผลการตรวจดีเอ็นเอที่ตำแหน่งต่างๆ พร้อมค่าทางสถิติที่จำเป็น นอกจากนี้ยังมีการแปลผลการตรวจขั้นต้นไว้ในใบรายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ ดังนั้นโปรแกรม PSU CalPat จึงเป็นอีกทางเลือกหนึ่งที่เหมาะสมกับการใช้งานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์ในประเทศไทย

## เอกสารอ้างอิง

1. Pradutkanchana S, Pradutkanchana J, Rueangkittisakul S. Database software for analysis of statistical values in forensic DNA typing. *Songkla Med J* 2011; 29: 143 - 53.
2. Buckleton JS, Clayton T, Triggs C. Parentage testing. In: Buckleton JS, Triggs CM, Walsh SJ, editors. *Forensic DNA evidence interpretation*. Washington: CRS Press; 2005; p.341 - 94.
3. Gjertson DW, Brenner CH, Baur MP, et al. ISFG: recommendations on biostatistics in paternity testing. *Forensic Sci Int Genet* 2007; 1: 223 - 31.
4. Shotivaranon J, Chirachariyavej T, Leetrakool N, et al. DNA database of populations from different parts in the Kingdom of Thailand. *Forensic Sci Int Genet* 2009; 4: e37 - e8.
5. National Research Council Committee on DNA Forensic Science: An Update. *The evaluation of forensic DNA evidence*. Washington: National Academy Press; 1996.
6. Egeland T, Mostad PF, Mevåg B, et al. Beyond traditional paternity and identification cases: selecting the most probable pedigree. *Forensic Sci Int* 2000; 110: 47 - 59.
7. Riancho JA, Zarrabeitia MT. A Windows-based software for common paternity and sibling analyses. *Forensic Sci Int* 2003; 135: 232 - 4.
8. Drábek J. Validation of software for calculating the likelihood ratio for parentage and kinship. *Forensic Sci Int Genet* 2009; 3: 112 - 8.