

ค่าทางสถิติสำหรับกำหนดความสัมพันธ์แบบพี่น้อง  
ร่วมบิดาและมารดาเดียวกันจากการตรวจดีเอ็นเอลำดับซ้ำ  
บนออโตโซม จำนวน 15 ตำแหน่ง ในคนไทย

Statistic Value for Determination of Full-Sibling Relationship  
Using 15 Autosomal STR Loci in Thai Individuals

สุนิษา โอบอ้อม และธิติ มหาเจริญ

คณะนิติวิทยาศาสตร์ โรงเรียนนายร้อยตำรวจ

ตำบลสามพราน อำเภอสามพราน จังหวัดนครปฐม 73110

จิตติมา โชติวารานนท์, ธวัช รินทะชัย, ณภัทร ธนะโชครุ่งเรือง

และบุษบา ฤกษ์อำนาจโชค\*

ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล

แขวงทุ่งพญาไท เขตราชเทวี กรุงเทพมหานคร 10400

Sunisa Aobaom and Thiti Mahacharoen

Faculty of Forensic Science, Royal Police Cadet Academy,

Sam Phran, Nakhon Pathom, 73110

Jittima Shotivaranon, Tawat Rinthachai, Napat Thanachokrungruang

and Budsaba Rerkamnuaychoke\*

Department of Pathology, Faculty of Medicine, Ramathibodi Hospital, Mahidol University,

Thung Phaya Thai, Ratchathewi, Bangkok 10400

บทคัดย่อ

รายงานนี้เป็นการศึกษาค่าทางสถิติของความสัมพันธ์แบบพี่น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน (full-sibling) จากการตรวจดีเอ็นเอลำดับซ้ำบนออโตโซมจำนวน 15 ตำแหน่ง โดยคำนวณค่า likelihood ratio (LR) ในกลุ่มตัวอย่าง 2 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่มีความสัมพันธ์กัน ( $n=226$  คู่) และกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กันซึ่งมี 2 รูปแบบ ได้แก่ กลุ่มที่จับคู่แบบสลับ ( $n=145$  คู่) และกลุ่มที่จับคู่แบบสุ่ม ( $n=200$  คู่) พบว่าการกระจายของค่า combined likelihood ratio (CLR) มี 3 ช่วง ได้แก่ (1) ช่วงที่สามารถยืนยันได้ว่าบุคคลทั้งสองมีความสัมพันธ์กันจริง มีค่ามากกว่า 49.6034 (2) ช่วงที่ไม่สามารถสรุปความสัมพันธ์ได้ มีค่าระหว่าง 0.0011 ถึง 49.6034 และ (3) ช่วงที่สามารถยืนยันได้ว่าบุคคลทั้งสองไม่มีความสัมพันธ์กัน มีค่าน้อยกว่า 0.0011 สรุปงานวิจัยนี้มีการนำเสนอช่วงของค่า CLR ที่สามารถใช้ในการระบุความสัมพันธ์ของพี่น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกันได้อันจะเป็นประโยชน์ต่อการตรวจวิเคราะห์ด้านนิติพันธุศาสตร์ในการพิสูจน์ความสัมพันธ์ของการเป็นพี่น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน

คำสำคัญ : พี่-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน; ดีเอ็นเอ; นิติพันธุศาสตร์

## Abstract

The current report determined full-sibling relationship based upon 15 autosomal STR loci in Thai individuals using statistic values of likelihood ratio (LR). There are two groups of the samples studied. The first group is true full sibling (related group) (n=226 related pairs) and the second group is unrelated group including shuffled pair group (n=145 pairs) and random pair group (n=200 pairs). The results demonstrated three ranges of combined likelihood ratio (CLR) values including (1) true relationship group: CLR is greater than 49.6034, (2) uninterpretable group: CLR is between 0.0011 - 49.6034 and (3) non-related group: CLR is less than 0.0011. For summary, this study proposed CLR ranges for determination of full-sibling relationship that is useful for DNA investigation in forensic genetics.

**Keywords:** full-sibling; DNA; forensic genetics

## 1. คำนำ

ปัจจุบันมีการประยุกต์ใช้ข้อมูลทางวิทยาศาสตร์ในกระบวนการยุติธรรม และเป็นที่ยอมรับทั้งในระดับชาติและนานาชาติ การนำเทคโนโลยีลายพิมพ์ดีเอ็นเอมาประยุกต์ใช้ในการตรวจพิสูจน์บุคคล พิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด และการยืนยันผู้กระทำความผิดในคดีอาชญากรรมต่าง ๆ ซึ่งมีความจำเป็นและได้รับความนิยมเป็นที่ยอมรับในกระบวนการยุติธรรม (อัจฉรา, 2554) การตรวจลายพิมพ์ดีเอ็นเอในปัจจุบันนี้นิยมใช้เครื่องหมายพันธุกรรมบริเวณดีเอ็นเอลำดับซ้ำ หรือ short tandem repeat (STR) ในการตรวจวิเคราะห์ ซึ่งข้อดีของการใช้ตำแหน่ง STR ได้แก่ สามารถนำไปปฏิบัติในห้องปฏิบัติการได้ง่าย ใช้ได้กับดีเอ็นเอที่มีปริมาณน้อย พบบ่อยในจีโนม สามารถเพิ่มปริมาณได้ด้วยวิธี PCR (polymerase chain reaction) และมีความหลากหลายของจีโนไทป์มาก เป็นต้น การตรวจเอกลักษณ์บุคคลด้วยการใช้เครื่องหมายพันธุกรรมประเภท STR ให้ผลการตรวจสอบที่มีความแม่นยำสูง ปัจจุบันดีเอ็นเอเป้าหมายที่ใช้ใน

กระบวนการวิเคราะห์ นิยมตรวจที่ตำแหน่งดีเอ็นเอลำดับซ้ำบนออโตโซม (autosomal STR) หรือ ดีเอ็นเอลำดับซ้ำบนโครโมโซมเอกซ์และวาย (X-STR และ Y-STR) การวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอในการตรวจสอบความสัมพันธ์ของแต่ละบุคคลจะใช้ค่าทางสถิติที่มีความจำเพาะ เช่น ค่า likelihood ratio (LR) ซึ่งเป็นค่าสถิติที่ใช้ทดสอบเพื่อเปรียบเทียบค่าความน่าจะเป็นหรือโอกาสที่ข้อมูลที่ได้จะมีความเหมือนกันของสองข้อมูล ซึ่งเป็นอัตราของสองความน่าจะเป็นของเหตุการณ์ที่เหมือนกันภายใต้สมมติฐานที่ต่างกัน (Butler, 2005) ซึ่งพบว่าการคำนวณค่า LR นอกจากจะสามารถใช้ในการประเมินความน่าเชื่อถือของหลักฐานว่าบุคคลทั้งสองมีความเป็นพี่น้องกันจริงหรือไม่ ยังสามารถประเมินประสิทธิภาพของค่า LR จากกลุ่มตัวอย่างจำนวนมาก ค่า LR สามารถประเมินจากกลุ่มคนที่มีความสัมพันธ์แบบพี่-น้องร่วมบิดามารดาเดียวกันที่มีการถ่ายทอดจากพ่อและแม่มาอย่างละครึ่ง ในการตรวจสอบตำแหน่งดีเอ็นเอลำดับซ้ำบนออโตโซมในความสัมพันธ์ดังกล่าวมีโอกาสใช้อัลลีลร่วมกัน

อย่างน้อย 1 อัลลีล หรือไม่มีการใช้อัลลีลร่วมกันเลย (Qualitytype, 2012) กับกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน โดยพบว่าค่า LR สามารถแยกความแตกต่างของทั้งสองกลุ่มนี้ได้ค่อนข้างสูง (Buckleton *et al.*, 2004) และเมื่อความสัมพันธ์เริ่มห่างไกลกันออกไป การตัดสินใจด้วยการใช้ค่า LR ยิ่งเป็นไปได้ยากมากยิ่งขึ้น (Buckleton *et al.*, 2004 ; Allen *et al.*, 2007) จากการศึกษาความสัมพันธ์แบบพี่น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกันในต่างประเทศ โดยใช้ตัวอย่าง 50 คู่ พบว่ากระจายตัวของค่า LR ในกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันมีค่าระหว่าง 4.6 ถึง  $1 \times 10^9$  และกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กันพบค่า LR ระหว่าง  $4.5 \times 10^{-8}$  ถึง 0.12 ซึ่งเมื่อสร้างกราฟการกระจายตัวของค่า LR พบว่าไม่มีส่วนซ้อนทับกัน (Reid *et al.*, 2004) ซึ่งขัดแย้งกับผลของกราฟการกระจายตัวของ John Buckleton มีการแสดงส่วนที่ซ้อนทับกันอย่างชัดเจน (Buckleton *et al.*, 2004)

งานวิจัยนี้ได้ศึกษาการกระจายตัวของค่า LR ระหว่างกลุ่มตัวอย่างที่มีความสัมพันธ์แบบพี่น้องร่วมบิดา-มารดาเดียวกันกับกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กันในกลุ่มตัวอย่างคนไทย โดยจุดประสงค์หลักของการศึกษามุ่งเน้นการคำนวณค่า likelihood ratio (LR) และค่า combined likelihood ratio (CLR) จากผลการตรวจดีเอ็นเอด้วยเครื่องหมายพันธุกรรมดีเอ็นเอลำดับซ้ำ 15 ตำแหน่ง ได้แก่ D8S1179, D21S11, D7S820, CSF1P0, D3S1358, THO1, D13S317, D16S539, D2S1338, D19S433, vWA, TPOX, D18S51, D5S818 และ FGA

## 2. อุปกรณ์และวิธีการ

### 2.1 กลุ่มตัวอย่าง

การศึกษานี้เก็บข้อมูลจากการตรวจวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอจากฐานข้อมูลห้องปฏิบัติการมนุษย์พันธุศาสตร์ คณะแพทยศาสตร์ โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล ระหว่าง

ปี พ.ศ. 2554 ถึง 2558 โดยเก็บข้อมูลส่วนที่เป็น allelic profile จาก autosomal STR 15 ตำแหน่งของทั้งสองบุคคลที่มีความสัมพันธ์กันแบบพี่น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน ซึ่งการตรวจวิเคราะห์ลายพิมพ์ดีเอ็นเอใช้ชุดน้ำยาสำเร็จรูป AmpF $\{\text{STR}\}^{\circledR}$  Identifiler $^{\circledR}$  Plus PCR Amplification Kit (Life Technologies, USA) แบ่งเก็บข้อมูล 2 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่มีความสัมพันธ์กัน (related) 226 คู่ และกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน (unrelated) โดยแบ่งเป็น 2 กลุ่มตัวอย่าง คือ กลุ่มการจับคู่สลับ (shuffled pair) คือกลุ่มที่สลับกันภายในกลุ่มที่มีภาคเดียวกัน 145 คู่ และ กลุ่มการจับคู่สุ่ม (random pair) คือ กลุ่มที่เกิดจากการสุ่มโดยการจับฉลากขึ้นมา 2 บุคคลจากฐานข้อมูล โดยไม่คำนึงว่าจะมาจากภาคเดียวกันหรือไม่ 200 คู่ จากตัวอย่างทั้งหมด 6 ภาค ได้แก่ ภาคเหนือ ภาคกลาง ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคตะวันออก ภาคตะวันตก และภาคใต้ (ตารางที่ 1)

**ตารางที่ 1** จำนวนตัวอย่างของกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันและกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน ซึ่งเป็นกลุ่มการจับคู่สลับ โดยแบ่งเป็น 6 ภาค (หน่วย : คู่)

ภูมิภาค	กลุ่มที่มีความสัมพันธ์กัน	กลุ่มการจับคู่สลับ
ภาคเหนือ	1	0
ภาคกลาง	64	48
ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ	24	19
ภาคตะวันออก	78	46
ภาคตะวันตก	50	27
ภาคใต้	9	5
รวม	226	145

### 2.2 การคำนวณค่าทางสถิติ

รายงานนี้ได้ศึกษาความสัมพันธ์แบบพี่น้อง

น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกันทางสถิติ จากการใช้อัตราส่วนของความน่าจะเป็น (likelihood ratio, LR) และค่า CLR โดยคำนวณจากสูตรคำนวณค่าทางสถิติที่มีความแตกต่างกันในแต่ละกลุ่ม โดยใช้สูตรของ Evett และ Weir (Ayres, 2000) หรือการคำนวณด้วยโปรแกรมที่พัฒนาจากสูตรเดียวกัน ได้แก่ โปรแกรม Investigator® IDproof version 2.2.5 (QIAGEN, Germany) และโปรแกรม RapidDNA analysis (Pondpol, Thailand) ซึ่งกำหนดค่า fixation index ( $F_{st}$  หรือ Theta,  $\theta$ ) ซึ่งมีค่าได้ 0-1 และค่าความถี่อัลลีล (Pi) จากฐานข้อมูลความถี่อัลลีลของประชากรไทยจากทุกภูมิภาคของประเทศ รวมจำนวนประชากร 929 คน (Shotivara-

non et al., 2009) นำค่า Log ของค่า CLR ของกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันและกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทั้ง 2 กลุ่ม และจำนวนตัวอย่างมาสร้างกราฟโดยเรียงจากน้อยไปมาก จากนั้นนำค่า CLR สร้างกราฟแสดงความสัมพันธ์ของแต่ละกลุ่มตัวอย่าง โดยแกน Y เป็นค่าความน่าจะเป็น (probability density) และแกน X เป็นค่า Log ของค่า CLR และคำนวณค่าทางสถิติพื้นฐาน ได้แก่ ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าต่ำสุด-สูงสุด ค่าความแปรปรวน และค่ามัธยฐาน เป็นต้น (ตารางที่ 2) เพื่อกำหนดช่วงสำหรับการระบุความสัมพันธ์ทางสายเลือดของทั้งสามกลุ่มความสัมพันธ์

**ตารางที่ 2** ข้อมูลทางสถิติของกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันและกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน [N : จำนวนตัวอย่าง (คู่)]

กลุ่มความสัมพันธ์	N (คู่)	ค่าเฉลี่ย	ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	ค่า CLR* ต่ำสุด	ค่า CLR สูงสุด	มัธยฐาน
มีความสัมพันธ์กัน	226	$3.2859 \times 10^{11}$	$3.8036 \times 10^{12}$	0.0011	$5.3352 \times 10^{13}$	4,736.7657
ไม่มีความสัมพันธ์กัน						
- การจับคู่สลับ	145	0.3952	4.1203	$1.4261 \times 10^{-7}$	49.6034	0.0004
- การจับคู่สุ่ม	200	0.0796	0.5694	$9.9456 \times 10^{-8}$	7.7140	0.0005

CLR\* = combined likelihood ratio

### 3. ผลการวิจัยและวิจารณ์

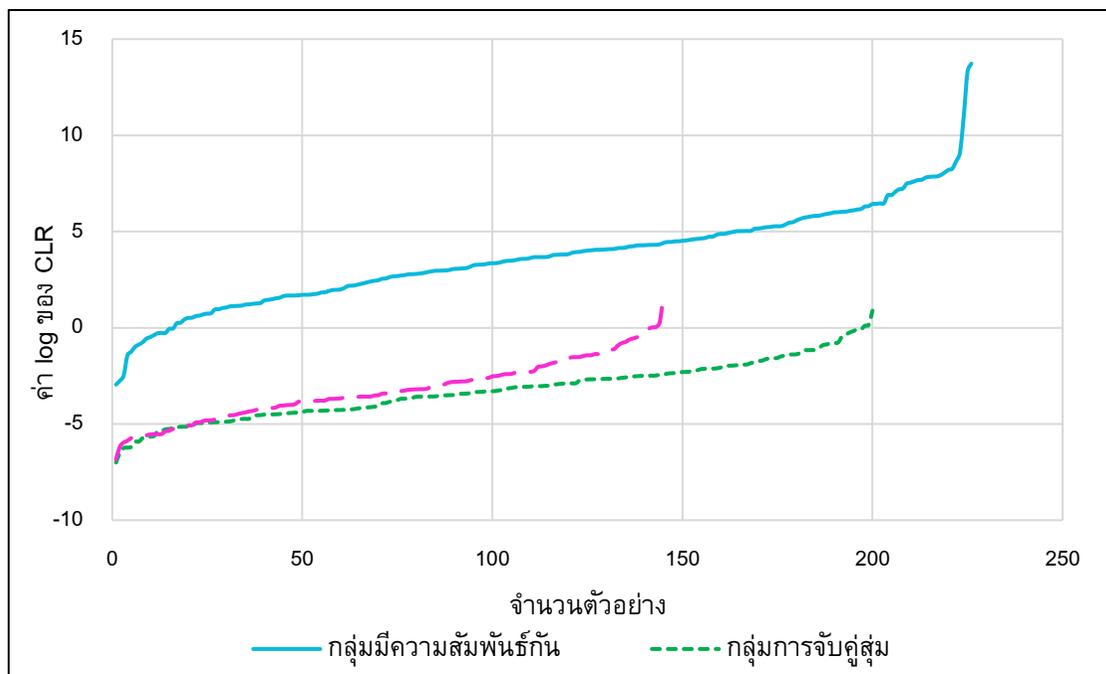
การคำนวณค่าทางสถิติสำหรับการระบุความสัมพันธ์แบบพี่-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน ผลของจีโนไทป์ที่ได้จากการตรวจดีเอ็นเอลำดับซ้ำบนออโตโซมจำนวน 15 ตำแหน่ง ของตัวอย่างคนไทยใน 6 ภูมิภาค สามารถสรุปผลเป็นค่าทางสถิติเบื้องต้นได้ตามข้อมูลทางสถิติของกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันและกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน (ตารางที่ 2) และเมื่อนำแต่ละกลุ่มความสัมพันธ์มาจัดสร้างกราฟ (รูปที่ 1) โดยการเรียงค่า LR จากน้อยไปมาก พบว่าการคำนวณค่า CLR ของกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันและกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน

ทั้งการจับคู่แบบสลับและการจับคู่แบบสุ่ม มีการกระจายตัวต่างกัน และในกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทั้ง 2 กลุ่ม มีการกระจายตัวและการเพิ่มขึ้นที่คล้ายคลึงกัน

การเปรียบเทียบค่าทางสถิติของกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันแบบพี่-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน และกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทั้ง 2 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มที่มีการจับคู่สลับและกลุ่มที่มีการจับคู่สุ่ม พบว่าในกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กัน ช่วงของค่า CLR ต่ำสุด 0.0011 ถึงสูงสุด  $5.3352 \times 10^{13}$  และในกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทั้งแบบการจับคู่แบบสลับและการจับคู่แบบสุ่ม ช่วงของค่า CLR ต่ำสุด

1.4261 x 10<sup>-7</sup> ถึงสูงสุด 49.6034 และช่วงของค่า CLR ต่ำสุด 9.9456 x 10<sup>-8</sup> ถึงสูงสุด 7.7140 ตามลำดับ (ตารางที่ 2) เมื่อสร้างกราฟแสดงการกระจายตัวของค่า CLR เพื่อหาความสัมพันธ์ทางสายเลือดของทั้ง 2 กลุ่ม (รูปที่ 2) พบค่าการกระจายตัวของค่า CLR ที่สามารถยืนยันได้อย่างแน่นอนว่าบุคคล

นั้นมีความสัมพันธ์กันเป็นพี่น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกันจริง จะต้องมีค่า CLR มากกว่า 49.6034 (log CLR > 1.6955) โดยมีค่ามาตรฐานเป็น 4736.7657 และส่วนที่ยืนยันได้ว่าบุคคลนั้นไม่มีความสัมพันธ์กันเลยจะมีค่า CLR น้อยกว่า 0.0011 (log CLR < -2.9525)



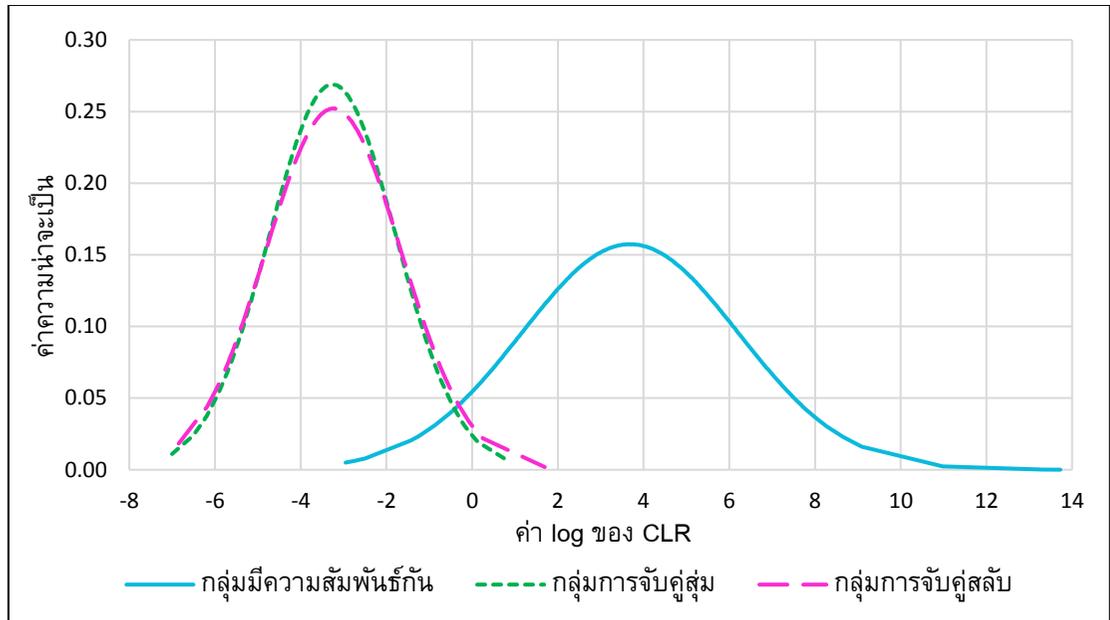
รูปที่ 1 ค่า LR แสดงเป็นค่า Log ของ CLR ของกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันและกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน 2 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มการจับคู่สุ่ม และกลุ่มการจับคู่สุ่ม โดยเรียงจากน้อยไปมาก

การกระจายตัวของค่า CLR ในความสัมพันธ์แบบพี่น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน แสดงช่วงที่น่าสนใจ คือ ช่วงที่ไม่สามารถสรุปความสัมพันธ์ได้ หรือ gray zone กล่าวคือ ค่าการกระจายตัวของค่า CLR ที่ต่ำที่สุดในกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันจะติดกับค่าการกระจายตัวของค่า CLR ที่สูงที่สุดของกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทั้งในการจับคู่สุ่ม และการจับคู่สุ่ม มีค่าอยู่ระหว่าง 0.0011 (log CLR = -2.9525) ถึง 49.6034 (log CLR = 1.6955) ซึ่งเป็นช่วงที่ไม่สามารถแปลความหมายได้ โดยจำนวนบุคคลที่มี

ความสัมพันธ์กันแต่อยู่ในช่วงที่ซ้อนทับกันอยู่ ซึ่งจะต้องทดสอบด้วยวิธีอื่นเพื่อยืนยันผลของความสัมพันธ์ เช่น ตรวจ autosomal STR ตำแหน่งอื่นเพิ่ม ตรวจ X-STR, Y-STR หรือดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียเพิ่ม

#### 4. สรุป

การศึกษาค่าทางสถิติสำหรับระบุช่วงความสัมพันธ์แบบพี่น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกันในตัวอย่าง 226 คู่ เปรียบเทียบกับกลุ่มที่ไม่มีความ



**รูปที่ 2** การกระจายตัวของค่า CLR ในกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันและกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน 2 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มการจับคู่สลับ และกลุ่มการจับคู่สุ่ม

สัมพันธ์กันทั้งการจับคู่แบบสลับ 145 คู่ และการจับคู่แบบสุ่ม 200 คู่ เมื่อเปรียบเทียบกับรายงานอื่น เช่น การศึกษาของ Reid และคณะ (2004) ได้เปรียบเทียบการกระจายตัวของค่า CLR 50 คู่ ในความสัมพันธ์แบบพี-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน และกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน ซึ่งค่า CLR ในกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันอยู่ระหว่าง  $4.6$  ถึง  $1 \times 10^9$  และกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กันอยู่ระหว่าง  $4.5 \times 10^{-8}$  ถึง  $0.12$  และไม่แสดงส่วนที่ซ้อนทับกันของค่า LR ต่างกันกับการศึกษาของ Buckleton และคณะ (2004) ที่แสดงผลของการกระจายตัวของค่า CLR ของความสัมพันธ์แบบพี-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน มีส่วนที่ซ้อนทับกัน เช่นเดียวกับงานวิจัยนี้ในกลุ่มพี-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกันที่แสดงให้เห็นส่วนที่ซ้อนทับกันของข้อมูล และมีค่า CLR ที่มาจากกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันแบบพี-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกันสูงกว่ากลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน โดยในกลุ่มที่มี

ความสัมพันธ์กันค่า CLR มีช่วงอยู่ที่  $5.3352 \times 10^{13}$  ถึง  $0.0011$  ส่วนในกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กันจะมีช่วงอยู่ที่  $1.4261 \times 10^{-7}$  ถึง  $49.6034$  สำหรับกลุ่มการจับคู่แบบสุ่ม และ  $9.9456 \times 10^{-8}$  ถึง  $7.7140$  สำหรับกลุ่มการจับคู่แบบสลับ โดยเมื่อพิจารณาค่า CLR ของทั้งสองพบว่าค่า CLR ของ Reid (2004) เป็นส่วนหนึ่งในช่วงของค่า CLR ของผลการทดสอบค่า CLR

โดยจากงานวิจัยนี้เมื่อดูถึงลักษณะการกระจายตัวของค่า CLR ของทั้ง 3 กลุ่ม ของความสัมพันธ์แบบพี-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน มีลักษณะคล้ายคลึงกันโดยมีการเพิ่มขึ้นของ slope จากค่าต่ำสุดไปค่าสูงสุดมีลักษณะคล้ายคลึงกันค่า CLR ที่น่าสนใจมากที่สุดในงานวิจัย คือ ส่วนที่ซ้อนทับกันในกราฟการกระจายตัวของค่า LR ของกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันและกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน ซึ่งมีช่วงอยู่ระหว่าง  $0.0011$  ถึง  $49.6034$  (มีค่าต่างกัน 45,000 เท่า)

แสดงส่วนที่ซ้อนทับกันหรือ gray zone เป็นส่วนที่ให้ข้อมูลที่เป็ประโยชน์ในการตัดสินใจของความสัมพันธ์แบบพี่-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกันได้ และเมื่อเปรียบเทียบกับผลของค่า CLR ในคนไทยภาคเหนือ (ธานินทร์ และคณะ, 2551) โดยค่า CLR ของกลุ่มที่มีความสัมพันธ์กันอยู่ในช่วง log -1.99 ถึง 8.00 และพบช่วงที่ไม่สามารถสรุปความสัมพันธ์ได้อยู่ในช่วง log -1.99 ถึง 1.00 ซึ่งเมื่อเทียบกับผลของงานวิจัยนี้ ค่า CLR ดังกล่าวมีลักษณะที่คล้ายคลึงกันหรือเป็นส่วนหนึ่ง (subset) ของงานวิจัยนี้เช่นเดียวกัน ซึ่งมีลักษณะผลที่คล้ายคลึงกับงานวิจัยของ Yang และคณะ (2013) ซึ่งมีการตรวจสอบในกลุ่มผู้ที่มีความสัมพันธ์แบบเครือญาติ โดยใช้ autosomal STR 13 และ 20 ตำแหน่ง และผลที่ได้ คือ สามารถแยกความแตกต่างของความสัมพันธ์ได้อย่างชัดเจน ส่วนที่ซ้อนทับกันหรือ gray zone จะต้องตรวจสอบ STR ตำแหน่งอื่นเพิ่มเติมต่อไป

การศึกษาของ Chang En Pu และ Adrian Linacre ที่เปรียบเทียบความสัมพันธ์แบบ half-sibling คือ ความสัมพันธ์แบบพี่-น้องที่มีบิดาหรือมารดาเดียวกัน พบค่าการกระจายตัวของค่า CLR โดยค่าต่ำสุดมีค่า  $1.40 \times 10^{-3}$  และค่าสูงสุดมีค่า  $2.29 \times 10^5$  สำหรับกลุ่มที่ไม่มีความสัมพันธ์กันพบส่วนที่ซ้อนทับกันของกราฟการกระจายตัวของ CLR อยู่ในช่วง 0.03125 ถึง 1,000 (Pu and Linacre, 2008) เมื่อเปรียบเทียบกับความสัมพันธ์แบบ full-sibling ของงานวิจัยนี้จะมีค่าน้อยกว่าและมีส่วนที่ซ้อนทับกันของทั้งสองความสัมพันธ์ หากคำนวณความสัมพันธ์ของทั้งสองความสัมพันธ์พร้อมกัน มีโอกาสที่ค่าความสัมพันธ์ CLR จะสามารถตกในกลุ่มของความสัมพันธ์แบบ half-sibling ได้ เมื่อเปรียบเทียบกับกลุ่มตัวอย่างที่มีการปรับค่า  $F_{st}$  เพื่อใช้ในการคำนวณค่า LR อยู่ที่ 0.01 (Thomson *et al.*, 2001) พบค่าของความสัมพันธ์มีลักษณะที่น้อยลง กราฟ

เลื่อนไปทางซ้าย แต่ยังพบส่วนที่ซ้อนทับกันเช่นเดียวกัน

งานวิจัยนี้เป็นการนำเสนอ การสรุปค่าทางสถิติที่สามารถระบุความสัมพันธ์แบบพี่-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน ซึ่งประกอบด้วย 3 ช่วงของความน่าจะเป็น LR (CLR) คือ (1) ช่วงที่มีความสัมพันธ์กันจริง มีค่ามากกว่า 49.6034 (2) ช่วงที่ไม่สามารถสรุปความสัมพันธ์ได้ (ช่วง gray zone) มีค่าอยู่ระหว่าง 0.0011 ถึง 49.6034 และ (3) ช่วงที่ไม่มีความสัมพันธ์กัน มีค่าน้อยกว่า 0.0011 โดยรายงานการวิจัยนี้แสดงให้เห็นว่าสามารถแยกความแตกต่างของความสัมพันธ์แบบพี่-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกันได้ โดยการใ้ค่า CLR ซึ่งสามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการพิสูจน์ความสัมพันธ์ของพี่-น้องร่วมบิดาและมารดาเดียวกัน ตลอดจนการตรวจพิสูจน์ทางนิติพันธุศาสตร์ที่เกี่ยวกับกลุ่มตัวอย่างที่เป็นคนไทย

### 5. กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ บุคคลากรสังกัดห้องปฏิบัติการมนุษย์พันธุศาสตร์ ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล และทุกท่านที่กรุณาให้คำปรึกษา ให้ความรู้ ตลอดจนให้คำแนะนำในการเก็บข้อมูล สำหรับทำงานวิจัยในครั้งนี้ ทำให้การทำวิจัยนี้สามารถสำเร็จลุล่วงไปด้วยดี

### 6. รายการอ้างอิง

ธานินทร์ ภูพัฒน์, เลิศลักษณ์ ภูพัฒน์ และสุทัศน์ ศรีดวงแก้ว, 2551, การตรวจสอบดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์เพื่อพิสูจน์ความเป็นพี่น้องในคนไทยในภาคเหนือ, ว.สมาคมแพทยนิติเวชแห่งประเทศไทย 2(2): 12-24.  
 อัจฉรา บุญเลิศ, 2554, การวิเคราะห์ความเป็นพี่-น้อง จาก 15 loci STR (Short-Tandem-

- Repeats) ในการพิสูจน์บุคคล, ว.นิติเวชศาสตร์ 4(1): 33-44.
- Allen, R.W., Fu, J., Reid, T.M. and Baird, M., 2007, Considerations for the interpretation of STR results in cases of questioned half-sibship, *Transfusion* 47: 515-519.
- Ayres, K.L., 2000, Relatedness testing in subdivided populations, *Forensic Sci. Int.* 114: 107-115.
- Buckleton, J.S., Christopher, M.T. and Simon J.W., 2004, *Forensic DNA Evidence Interpretation*, CRC Press, United States.
- Butler, J.M., 2005, *Forensic DNA Typing: Biology, Technology, and Genetics of STR Markers*, 2nd Ed., Elsevier, Amsterdam.
- Pu, C.E. and Linacre, A., 2008, Increasing the confidence in half-sibship determination based upon 15 STR loci, *J. Forensic Leg. Med.* 15: 373-377.
- Qualitytype, 2012, *Investigator® IDproof Calculation Guide*, QIAGEN, Germany.
- Reid, T.M., Wolf, C.A., Kraemer, C.M., Lee, S.C., Baird, M.L. and Lee, R.F., 2004, Specificity of sibship determination using the ABI Identifiler multiplex system, *J. Forensic Sci.* 49:1262-1264.
- Shotivaranon, J., Chirachariyavej, T., Leetrakool, N. and Rerkamnuaychoke, B., 2009, DNA database of populations from different parts in the Kingdom of Thailand, *Forensic Sci. Int. Genet.* 4: 37-38.
- Thomson, J.A., Ayres, K.L., Pilotti, V., Barrett, M.N., Walker, J.I., and Debenham, P.G., 2001, Analysis of disputed single-parent/child and sibling relationships using 16 STR loci, *Int. J. Legal. Med.* 115: 128-134.
- Yang, I.S., Lee, H.Y., Park, S.J., Yang, W.I. and Shin, K.J., 2013, Analysis of Kinship Index Distributions in Koreans Using Simulated Autosomal STR Profiles, *Korean J. Leg. Med.* 37: 57-65.