

## คู่มือการใช้โปรแกรม PSU CalPat v1.2

สุคนธ์ ประจุกาญจนา

หน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์

มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ หาดใหญ่ สงขลา 90110.

E-mail address: [mitojin@live.com](mailto:mitojin@live.com)

---

โปรแกรมนี้เป็นฐานข้อมูลที่ใช้ในการเก็บข้อมูลรูปแบบดีเอ็นเอทั้งชนิด autosomal STR, Y-STR, X-STR และ mitochondrial DNA (mtDNA) โดยสามารถคำนวณค่าทางสถิติในการพิสูจน์ความสัมพันธ์ด้านนิติเวชศาสตร์ ได้หลากหลายรูปแบบ เช่น

1. การคำนวณค่าทางสถิติในการพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล (autosomal STR)
2. คำนวณค่าทางสถิติในการพิสูจน์พ่อ-ลูกหรือแม่-ลูก (autosomal STR)
3. คำนวณค่าทางสถิติในการพิสูจน์พี่น้องร่วมบิดามารดาเดียวกัน (full sibling) โดยการตรวจดีเอ็นเอชนิด autosomal STR
4. คำนวณค่าทางสถิติในการพิสูจน์กึ่งพี่น้อง (half sibling) โดยการตรวจดีเอ็นเอชนิด autosomal STR
5. คำนวณค่าทางสถิติในการพิสูจน์ความสัมพันธ์ร่วมบรรพบุรุษสายมารดาเดียวกัน (mtDNA)
6. คำนวณค่าทางสถิติในการพิสูจน์ความสัมพันธ์ร่วมบรรพบุรุษสายบิดาเดียวกัน (Y-STR)
7. เปรียบเทียบรูปแบบดีเอ็นเอเพื่อพิสูจน์ความสัมพันธ์ของพี่น้องเพศหญิงร่วมบิดาเดียวกัน หรือความสัมพันธ์ย่า-หลานเพศหญิง (X-STR)

โปรแกรมนี้สามารถพิมพ์รายงานการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทั้ง 7 รูปแบบ พร้อมค่าทางสถิติที่จำเป็น เช่น Likelihood ratio (LR), combined paternity index (CPI) และ posterior probability มีการแปลผลการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ชนิดต่างๆ เป็นภาษาไทย ทำให้ผู้ใช้งานโปรแกรมนี้สามารถใช้ใบรายงานที่พิมพ์จากโปรแกรมนี้เป็นใบรายงานการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอได้ โดยไม่ต้องคัดลอกผลการตรวจใหม่

นอกจากนั้นโปรแกรมนี้ยังสามารถเก็บข้อมูลตัวอย่างตรวจที่น่าสนใจ เพื่อใช้ในการศึกษาวิจัยได้อีก 2 โครงการ โดยสามารถให้โปรแกรมแสดงข้อมูลรหัสตัวอย่างตรวจและรหัสครอบครัว ของตัวอย่างตรวจที่ถูกคัดเลือกในแต่ละโครงการ ทำให้สะดวกในการจัดเก็บตัวอย่างที่สนใจมาศึกษาวิจัยต่อไปในอนาคต

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.2 พัฒนาขึ้นโดยคุณสุคนธ์ ประดุกกาญจนา นักเทคนิคการแพทย์  
ชำนาญการพิเศษ สังกัดหน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์  
มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ หาดใหญ่ จังหวัดสงขลา ผู้พัฒนาตั้งใจให้โปรแกรมนี้เป็นส่วนหนึ่งในการพัฒนา  
วิชาชีพด้านการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ จึงมอบลิขสิทธิ์โปรแกรมนี้ให้แก่เครือข่ายนิติพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย  
ผู้สนใจสามารถใช้โปรแกรมนี้ได้ฟรี โดยสามารถ download ได้จาก

[http://portal.in.th/files/5/3/1/2011/03/09/PSUCalPatv1\\_21.mdb](http://portal.in.th/files/5/3/1/2011/03/09/PSUCalPatv1_21.mdb) หรือ

[http://portal.in.th/files/5/3/1/2011/03/09/PSUCalPatv1\\_21.rar](http://portal.in.th/files/5/3/1/2011/03/09/PSUCalPatv1_21.rar)

สำหรับสูตรคำนวณค่าทางสถิติกรณีต่างๆ ที่ใช้ในโปรแกรมนี้ ผู้พัฒนาได้ตีพิมพ์ในวารสารสงขลา  
นครินทร์เวชสาร 2011; 29 (3): 143-53. ผู้สนใจสามารถ download ได้จาก

[http://medinfo.psu.ac.th/smj2/29\\_3/05-sukon.pdf](http://medinfo.psu.ac.th/smj2/29_3/05-sukon.pdf)

### การใช้งาน

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.2 พัฒนาขึ้นบนโปรแกรมจัดการฐานข้อมูล Microsoft Access รุ่น  
2003 ดังนั้นการใช้งานโปรแกรมนี้จึงจำเป็นต้องมีโปรแกรม Microsoft Access รุ่น 2003 อยู่บน  
ระบบปฏิบัติการ Window XP หรือ Window 7 กรณีที่ต้องการใช้งานโปรแกรมนี้ด้วยโปรแกรม Microsoft  
Access รุ่น 2007 หรือสูงกว่า ท่านต้องลงโปรแกรม Microsoft Access รุ่น 2003 ไว้ในเครื่องคอมพิวเตอร์  
ร่วมด้วย แต่เรียกใช้งานจากโปรแกรม Microsoft Access รุ่น 2007 หรือสูงกว่า

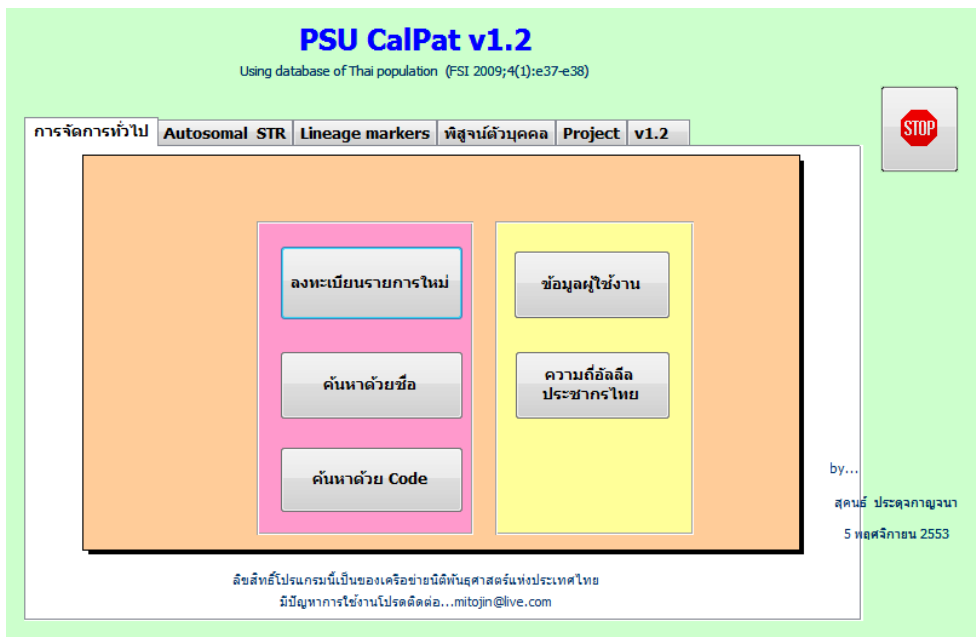
เมื่อเปิดโปรแกรม PSU CalPat โปรแกรมจะแสดงหน้าแรก เป็นลักษณะ multi-tab ผู้ใช้สามารถ  
เลือก tab ที่ต้องการ โดยคลิกเลือกที่ tab ชื่อหัวข้อ โดยมี tab ให้เลือกดังนี้

- การจัดการทั่วไป
- Autosomal STR
- Lineage markers
- พิสูจน์ตัวบุคคล
- Project
- V 1.2


## การจัดการทั่วไป (tab)

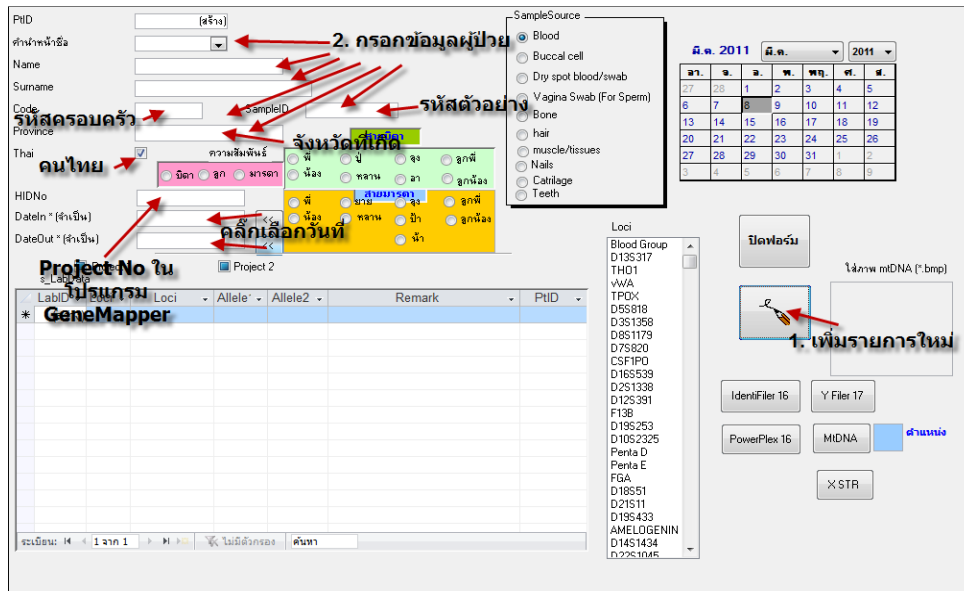
เป็นหน้าหลัก (default) มีปุ่มให้ผู้ใช้สามารถเลือกกดได้ ดังนี้

- 1.1 ลงทะเบียนรายการใหม่ : สำหรับใส่รายละเอียดของตัวอย่างตรวจ ความสัมพันธ์ของตัวอย่างตรวจกับบุคคลอ้างอิงผลการตรวจดีเอ็นเอชนิดต่างๆ วันที่รับตัวอย่าง วันที่รายงานผลการทดสอบ ฯลฯ
- 1.2 ค้นหาด้วยชื่อ : สำหรับค้นหาตัวอย่าง โดยเรียงชื่อตามตัวอักษร
- 1.3 ค้นหาด้วย Code : สำหรับค้นหาตัวอย่าง โดยเรียงตามรหัสครอบครัว และรหัสตัวอย่างตรวจ
- 1.4 ข้อมูลผู้ใช้งาน : สำหรับบันทึกชื่อห้องปฏิบัติการ ชื่อและตำแหน่งของผู้รายงานผล ชื่อและตำแหน่งของผู้ตรวจสอบ และชื่อและตำแหน่งของผู้รับรองผล
- 1.5 ความถี่อัลลีลประชากรไทย : แสดงความถี่อัลลีลของดีเอ็นเอตำแหน่งต่างๆในประชากรไทย



## 1.1 การเพิ่มข้อมูลใหม่

คลิกที่ปุ่ม ลงทะเบียนรายการใหม่ (หน้า tab การจัดการทั่วไป) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่างใหม่สำหรับการลงทะเบียนข้อมูลตัวอย่าง โดยแสดงรายการข้อมูลตัวอย่างที่มีอยู่ในฐานข้อมูล หากต้องการเพิ่มข้อมูลตัวอย่างใหม่ ให้กดปุ่ม  โปรแกรมจะเพิ่มหน้าต่างข้อมูลใหม่









กรอกข้อมูลผู้ป่วย ดังนี้

- คำนำหน้าชื่อ
- Name (ชื่อ)
- Surname (นามสกุล)
- Code (รหัสครอบครัว)
- SampleID (รหัสตัวอย่าง)
- Province (จังหวัดที่เกิด)
- Thai (สถานะความเป็นคนไทย)
- ความสัมพันธ์ทางสายเลือด
- HID No (project No ในโปรแกรม GeneMapper)
- DateIn (วันที่รับตัวอย่าง) ช่องนี้จำเป็นต้องใส่วันที่ มิฉะนั้นจะเกิด error เมื่อคำนวณค่าทางสถิติ
- DateOut (วันที่รายงานผล) ช่องนี้จำเป็นต้องใส่วันที่ มิฉะนั้นจะเกิด error เมื่อคำนวณค่าทางสถิติ

- Project1 คลิกเลือก เมื่อต้องการคัดเลือกตัวอย่างนี้ ไว้ศึกษาวิจัยในโครงการวิจัย 1
- Project2 คลิกเลือก เมื่อต้องการคัดเลือกตัวอย่างนี้ ไว้ศึกษาวิจัยในโครงการวิจัย 2
- SampleSource (ชนิดของตัวอย่าง) ให้เลือกเพียงข้อใดข้อหนึ่ง

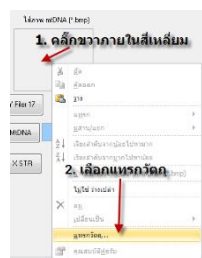
การเพิ่มตำแหน่งดีเอ็นเอที่ตรวจ อาจใช้วิธีการ double click ตำแหน่งดีเอ็นเอในช่อง loci ที่ละตำแหน่ง หรือใช้วิธีการกดที่ปุ่ม ต่อไปนี้

-  เมื่อต้องการเพิ่มดีเอ็นเอชนิด autosomal STRจำนวน 16 ตำแหน่งตามชุดนี้ยา Identifiler
-  เมื่อต้องการเพิ่มดีเอ็นเอชนิด autosomal STRจำนวน 16 ตำแหน่ง ตามชุดนี้ยา PowerPlex
-  เมื่อต้องการเพิ่มดีเอ็นเอชนิด Y-STR จำนวน 17 ตำแหน่ง ตามชุดนี้ยา Y Filer
-   เมื่อต้องการเพิ่มดีเอ็นเอชนิด mtDNA โดยระบุจำนวน ตัวเลขลงในช่องว่างสี่ฟ้า ก่อนกดปุ่ม
-  เมื่อต้องการเพิ่มดีเอ็นเอชนิด X-STR จำนวน 9 ตำแหน่ง

การใส่ค่าผลการทดสอบลงในตาราง s\_LabData มีข้อสังเกตดังนี้ หากผลรูปแบบดีเอ็นเอเป็นตัวเลข เช่น ผล autosomal STR ให้ใส่ค่าตัวเลขในช่อง Allele1 และ Allele2 กรณีที่มีผลเพียงค่าเดียว เช่น Y-STR ให้ใส่ค่าตัวเลขในช่อง Allele1 เท่านั้น หากผลรูปแบบดีเอ็นเอเป็นตัวอักษร เช่น Amelogenin, Blood group หรือ mtDNA ให้ใส่ตัวอักษรในช่อง Remark

LabID	Loci	Allele1	Allele2	Remark	PtID
27759	5 TPOX	11	11		18
27760	20 D18S51	15	17		18
27761	6 D5S818	10	10		18
27762	19 FGA	19	24		18
27763	23 AMELOGENIN	0	0	X,Y	18
27764	1 Blood Group	0	0	A	18
*	(สร้าง)				

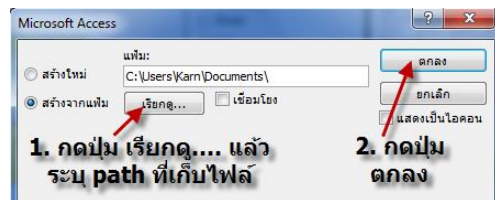
กรณีที่ต้องการบันทึกภาพรูปแบบ mtDNA ของแต่ละตัวอย่าง สามารถเชื่อมโยงภาพได้ โดยคลิกขวา



ภายในช่องสี่เหลี่ยม ใส่ภาพ mtDNA แล้วเลือกแทรกวัตถุโปรแกรมจะเปิดหน้าต่างใหม่ เลือก สร้างจากแฟ้ม แล้วกดปุ่ม เรียกดู จากนั้นระบุ path ที่ใช้เก็บไฟล์ภาพรูปแบบ mtDNA แล้วกดปุ่ม ตกลง

สำหรับไฟล์ภาพ mtDNA ที่

ต้องการเชื่อมโยงกับฐานข้อมูล ให้ใช้ไฟล์ภาพชนิดที่เป็น bitmap (\*.bmp) เท่านั้น



หากต้องการปิดหน้าต่างทะเบียนรายการ ให้กดปุ่ม  โปรแกรมจะทำการบันทึกข้อมูล และออกจากรูปภาพต่างลงทะเบียนรายการใหม่

## 1.2 การค้นหาด้วยชื่อ

**ค้นหาด้วยชื่อ**  
ข้อมูลชื่อเรียงตามตัวอักษร

รายชื่อตัวอย่างตรวจ

Name	Surname	Code	SampleID
ครามเลือด	ที่สูงเนิน	E53004	E001-1
นันทราพงษ์	ที่สูงเนิน	53003	F001Y-2
นันทรา	ไม่ไขนลาน	53003	F001Y-3
ประจักษ์	ที่สูงเนิน	53002	F001M-1
มาแอน	ที่สูงเนิน	53003	F001Y-1
วนิดา	ที่สูงเนิน	53002	F001M-2
สมจิต	ที่สูงเนิน	53005	F001X-2
สมร	ที่สูงเนิน	E53004	E001-2
สุนี	ที่สูงเนิน	53005	F001X-1
แสงดาว	ที่สูงเนิน	53001	F001A-1
แสงอาทิตย์	ที่สูงเนิน	53001	F001A-2

double click ที่รายการที่ต้องการ หรือเลือกรายการที่ต้องการแล้วกดปุ่ม **ตกลง**

**ตกลง** **ปิดหน้าต่าง**

กดปุ่ม **ค้นหาด้วยชื่อ** (หน้า tab การจัดการทั่วไป) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่าง ค้นหาด้วยชื่อ โดยโปรแกรมจะเรียงชื่อตามตัวอักษร เมื่อค้นหารายการจนพบชื่อที่ต้องการเรียกดูข้อมูลแล้ว ให้ double click ที่ชื่อนั้น หรือเลือกชื่อนั้น แล้วกดปุ่ม **ตกลง** โปรแกรมจะเปิดหน้าต่างแสดงรายการของข้อมูลรายนั้น หากต้องการออกจากหน้าต่างนี้ ให้กดปุ่ม **ปิดหน้าต่าง**

## 1.3 การค้นหาด้วย Code

**ค้นหาด้วย Code**  
ข้อมูลเรียงตามรหัสครอบครัวและรหัสตัวอย่าง

รายชื่อตัวอย่างตรวจ

Name	Surname	Code	SampleID
แสงดาว	ที่สูงเนิน	53001	F001A-1
แสงอาทิตย์	ที่สูงเนิน	53001	F001A-2
ประจักษ์	ที่สูงเนิน	53002	F001M-1
วนิดา	ที่สูงเนิน	53002	F001M-2
มาแอน	ที่สูงเนิน	53003	F001Y-1
นันทราพงษ์	ที่สูงเนิน	53003	F001Y-2
นันทรา	ไม่ไขนลาน	53003	F001Y-3
สุนี	ที่สูงเนิน	53005	F001X-1
สมจิต	ที่สูงเนิน	53005	F001X-2
ครามเลือด	ที่สูงเนิน	E53004	E001-1
สมร	ที่สูงเนิน	E53004	E001-2

double click ที่รายการที่ต้องการ หรือเลือกรายการที่ต้องการแล้วกดปุ่ม **ตกลง**

**ตกลง** **ปิดหน้าต่าง**

กดปุ่ม **ค้นหาด้วย Code** (หน้า tab การจัดการทั่วไป) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่าง ค้นหาด้วย Code โดยโปรแกรมจะเรียงตามรหัสครอบครัวและรหัสตัวอย่าง เมื่อค้นหาจนพบรายการที่ต้องการ ให้ double click ที่รายการนั้น หรือเลือกรายการที่ต้องการ แล้วกดปุ่ม **ตกลง** โปรแกรมจะเปิดหน้าต่างแสดงรายการของข้อมูลที่เลือก หากต้องการออกจากหน้าต่างนี้ ให้กดปุ่ม **ปิดหน้าต่าง**

## 1.4 ข้อมูลผู้ใช้งาน

**ข้อมูลผู้ใช้งาน**

ชื่อสถาบัน:

ที่อยู่ 1:

ที่อยู่ 2:

ชื่อผู้รายงานผล:

ตำแหน่งผู้รายงานผล:

ชื่อผู้ตรวจผล:

ตำแหน่งผู้ตรวจผล:

ชื่อผู้รับรองผล:

ตำแหน่งผู้รับรองผล:

**ปิดฟอร์ม**

กดปุ่ม **ข้อมูลผู้ใช้งาน** (หน้า tab การจัดการทั่วไป) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่างข้อมูลผู้ใช้งาน ผู้ใช้งานสามารถแก้ไขรายการต่างๆ ในหน้านี้ ให้เป็นชื่อสถาบันหรือชื่อห้องปฏิบัติการของผู้ใช้ พร้อมทั้งแก้ไขชื่อและตำแหน่งของ ผู้รายงานผล ผู้ตรวจสอบผล และผู้รับรองผล ข้อมูลผู้ใช้งานที่ระบุในหน้านี้ จะถูกพิมพ์ออกมาในใบรายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ หากต้องการออกจากหน้านี้ ให้กดปุ่ม **ปิดฟอร์ม**

## 1.5 ความถี่อัลลีลประชากรไทย

locus	allele	freq
D19S433	11	0.0027
D19S433	11.2	0.0005
D19S433	12	0.0517
D19S433	12.2	0.0091
D19S433	13	0.2648
D19S433	13.2	0.0414
D19S433	14	0.2379
D19S433	14.2	0.0861
D19S433	15	0.0780
D19S433	15.2	0.1728
D19S433	16	0.0124
D19S433	16.2	0.0285
D19S433	17	0.0032
D19S433	17.2	0.0016
D19S433	18	0.0011
D19S433	18.2	0.0011
D19S433	9	0.0065
D19S433	9.2	0.0005

กดปุ่ม **ความถี่อัลลีลประชากรไทย** (หน้า tab การจัดการทั่วไป) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่าง ความถี่อัลลีลประชากรไทย ผู้ใช้สามารถเลือกให้แสดงความถี่อัลลีลของดีเอ็นเอที่ตำแหน่งต่างๆ โดยคลิกเลือกตำแหน่งดีเอ็นเอที่ต้องการได้จากช่องซ้ายมือ โปรแกรมจะแสดงตารางความถี่อัลลีลของตำแหน่งดีเอ็นเอที่เลือกทางช่องขวามือ หากต้องการออกจากหน้านี้ ให้กดปุ่ม **ปิดฟอร์ม**

## 2. Autosomal STR (tab)

เป็นหน้าที่ให้เลือกใช้การคำนวณสถิติสำหรับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอชนิด autosomal STR มีปุ่มให้เลือกได้ 3 ปุ่มดังนี้

- 2.1 คำนวณพ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก
- 2.2 คำนวณพี่น้อง Full sibling ใช้ในการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์พี่น้องร่วมบิดามารดาเดียวกันเท่านั้น
- 2.3 คำนวณกึ่งพี่น้อง Half sibling ใช้ในการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์กึ่งพี่น้อง เช่น พี่น้องร่วมบิดาแต่คนละมารดา หรือ พี่น้องร่วมมารดาแต่คนละบิดา หรือมีความสัมพันธ์เป็นญาติกัน เช่น ปู่-หลาน ย่า-หลาน ตา-หลาน ยาย-หลาน ลุง-หลาน อา-หลาน ป้า-หลาน น้า-หลาน

### 2.1 คำนวณพ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก

กดปุ่ม **คำนวณ พ่อ-ลูก, แม่-ลูก** (หน้า tab Autosomal STR) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่าง การคำนวณทางสถิติพ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก โดยการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอชนิด autosomal STR ให้เลือกเปรียบเทียบความสัมพันธ์ของ Patient1 และ Patient2 โดยอาจเลือกให้เรียงชื่อตามตัวอักษรโดยการกดปุ่ม **เรียงตามชื่อ** หรืออาจเลือกให้เรียงตามรหัสครอบครัวและรหัสตัวอย่าง โดยการกดปุ่ม **เรียงตาม Code** จากนั้นพิมพ์ชื่อหรือ

**คำนวณสถิติ Autosomal STR**

1. เลือกรายการที่ต้องการเปรียบเทียบ

2. เลือกปุ่ม บันทึกผลตาราง

3. เลือกปุ่ม CPI calculation



4. เลือกปุ่ม พิมพ์รายงาน 16 ตำแหน่ง หรือปุ่มพิมพ์รายงานทุกตำแหน่ง

รหัสตัวอย่างในช่อง Patient1 และ Patient2 แล้วกดปุ่ม

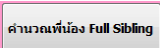
บันทึกผลตาราง จากนั้นกดปุ่ม **CPI Calculation**

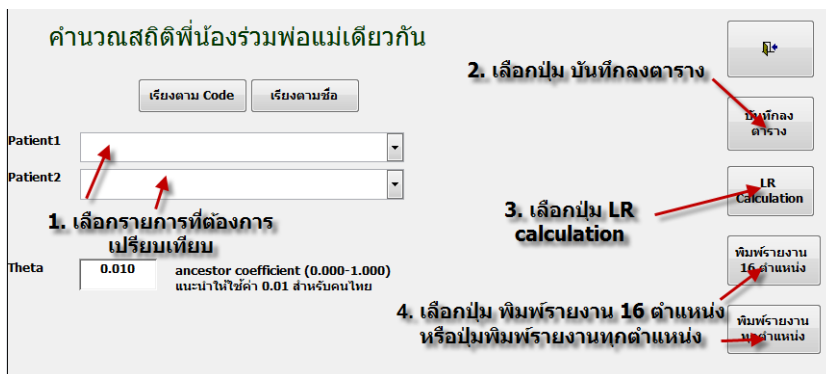
โปรแกรมจะแสดงสถานะ กำลังคำนวณ ให้คอยจนเปลี่ยนเป็นสถานะพร้อมใช้งาน แล้วจึงกดปุ่ม

พิมพ์รายงาน  
16 ตำแหน่ง

สำหรับการทดสอบด้วยน้ำยา Identifiler หรือกดปุ่ม  สำหรับการทดสอบด้วยน้ำยาอื่นๆ สำหรับการระบุค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วม (ancestor coefficient) หรือค่า Theta ( $\Theta$ ) โปรแกรมจะยอมให้สามารถใส่ค่าตัวเลขระหว่าง 0.000-1.000 เนื่องจากยังไม่เคยมีรายงานค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วมในประเทศไทย ดังนั้นค่าที่ใช้จึงควรเป็นค่ากลางที่สามารถใช้ได้ในประเทศไทย จึงแนะนำให้ใช้ค่า 0.010 (กำหนดเป็นค่าหลัก) เมื่อต้องการออกจากหน้านี้ ให้กดปุ่ม 

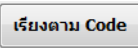

## 2.2 คำนวนพี่น้องร่วมบิดามารดาเดียวกัน (full sibling)

กดปุ่ม  (หน้า tab Autosomal STR) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่าง การคำนวณทาง





สถิติกรณีพี่น้องร่วมบิดามารดาเดียวกันโดยการตรวจดีเอ็นเอชนิด autosomal STR ให้เลือกเปรียบเทียบความสัมพันธ์ของ Patient1 และ Patient2 โดยอาจเลือกให้เรียงชื่อตาม


ตัวอักษรโดยการกดปุ่ม  หรืออาจเลือกให้เรียงตามรหัสครอบครัวและรหัสตัวอย่าง โดยการกด

ปุ่ม  จากนั้นพิมพ์ชื่อหรือรหัสตัวอย่างในช่อง Patient1 และ Patient2 แล้วกดปุ่ม 

จากนั้นกดปุ่ม  โปรแกรมจะแสดงสถานะ กำลังคำนวณ ให้คอยจนเปลี่ยนเป็นสถานะพร้อมใช้งาน

แล้วจึงกดปุ่ม  สำหรับการทดสอบด้วยน้ำยา Identifiler หรือกดปุ่ม  สำหรับการทดสอบด้วย

น้ำยาอื่นๆ สำหรับการระบุค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วม (ancestor coefficient) หรือค่า Theta ( $\Theta$ )

โปรแกรมจะยอมให้สามารถใส่ค่าตัวเลขระหว่าง 0.000-1.000 แต่เนื่องจากยังไม่เคยมีรายงานค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วมในประเทศไทย ดังนั้นค่าที่ใช้จึงควรเป็นค่ากลางที่สามารถใช้ได้ในประเทศไทย จึงแนะนำให้ใส่ค่า 0.010 (กำหนดเป็นค่าหลัก) เมื่อต้องการออกจากหน้านี้ ให้กดปุ่ม 

## 2.3 คำนวนกึ่งพี่น้อง (half sibling)

กดปุ่ม  (หน้า tab Autosomal STR) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่าง การคำนวณทางสถิติ

กรณีกึ่งพี่น้อง ได้แก่ พี่น้องร่วมบิดาแต่คนละมารดา หรือ พี่น้องร่วมมารดาแต่คนละบิดา หรือมีความสัมพันธ์เป็นญาติกัน เช่น ปู่-หลาน ย่า-หลาน ตา-หลาน ยาย-หลาน ลุง-หลาน อา-หลาน ป้า-หลาน น้ำ-หลาน โดยการ



**คำนวณสถิติกึ่งพี่น้อง (Half sibling)**

เรียงตาม Code    เรียงตามชื่อ

Patient1

Patient2

**1. เลือกรายการที่ต้องการเปรียบเทียบ**

Theta  ancestor coefficient (0.000-1.000)  
แนะนำให้ใช้ค่า 0.01 สำหรับคนไทย

**2. เลือกปุ่ม บันทึกผลตาราง**

**3. เลือกปุ่ม LR calculation**

**4. เลือกปุ่ม พิมพ์รายงาน 16 ตำแหน่ง หรือปุ่มพิมพ์รายงานหกตำแหน่ง**

ปุ่ม

ตรวจดีเอ็นเอชนิด autosomal STR ให้เลือกเปรียบเทียบความสัมพันธ์ของ Patient1 และ Patient2 โดยอาจเลือกให้เรียงชื่อตามตัวอักษรโดยการกดปุ่ม  หรืออาจเลือกให้เรียงตามรหัสครอบครัว

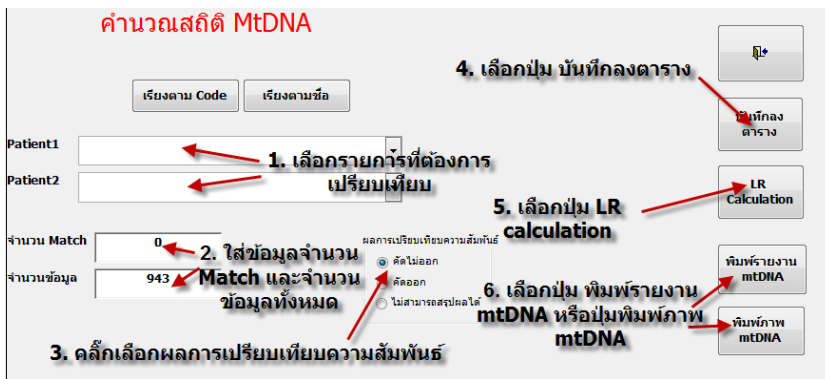
และรหัสตัวอย่าง โดยการกดปุ่ม  จากนั้นพิมพ์ชื่อหรือรหัสตัวอย่างในช่อง Patient1 และ Patient2 แล้วกดปุ่ม  จากนั้นกดปุ่ม  โปรแกรมจะแสดงสถานะ กำลังคำนวณ ให้คอยจนเปลี่ยนเป็นสถานะพร้อมใช้งาน แล้วจึงกดปุ่ม  สำหรับการทดสอบด้วยน้ำยา Identifiler หรือกดปุ่ม  สำหรับการทดสอบด้วยน้ำยาอื่นๆ สำหรับการระบุค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วม (ancestor coefficient) หรือค่า Theta ( $\theta$ ) โปรแกรมจะยอมให้สามารถใส่ค่าตัวเลขระหว่าง 0.000-1.000 แต่เนื่องจากยังไม่เคยมีรายงานค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วมในประชากรไทย ดังนั้นค่าที่ใช้จึงควรเป็นค่ากลางที่สามารถใช้ได้ในประชากรทั่วไป จึงแนะนำให้ใส่ค่า 0.010 (กำหนดเป็นค่าหลัก) เมื่อต้องการออกจากหน้านี้ ให้กดปุ่ม

### 3. Lineage markers (tab)

เป็นหน้าที่ให้เลือกใช้การคำนวณสถิติสำหรับการตรวจความสัมพันธ์ร่วมบรรพบุรุษเดียวกัน มีปุ่มให้เลือกได้ 3 ปุ่มดังนี้

- 3.1 คำนวณ mtDNA ใช้ในการคำนวณค่าทางสถิติ เพื่อพิสูจน์ความสัมพันธ์ญาติร่วมบรรพบุรุษสายมารดาเดียวกัน เช่น พี่-น้อง ยาย-หลาน น้ำ-หลาน ป้า(พี่ของแม่)-หลาน ลุง(พี่ของแม่)-หลาน เป็นต้น
- 3.2 คำนวณ Y-STR ใช้ในการคำนวณค่าทางสถิติ เพื่อพิสูจน์ความสัมพันธ์ญาติร่วมบรรพบุรุษสายบิดาเดียวกัน เช่น พี่-น้อง ปู่-หลาน อา-หลาน ลุง(พี่ของพ่อ)-หลาน เป็นต้นแต่ผู้ตรวจต้องเป็นเพศชายเท่านั้น
- 3.3 คำนวณ X-STR ใช้คำนวณค่าทางสถิติเพื่อพิสูจน์ความสัมพันธ์พี่น้องเพศหญิงร่วมบิดาเดียวกัน หรือ ความสัมพันธ์ย่า-หลานเพศหญิง

### 3.1 จำนวน mtDNA



กดปุ่ม **คำนวณ mtDNA** (หน้า tab Lineage markers) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่าง การคำนวณทางสถิติสำหรับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอชนิด mtDNA ให้

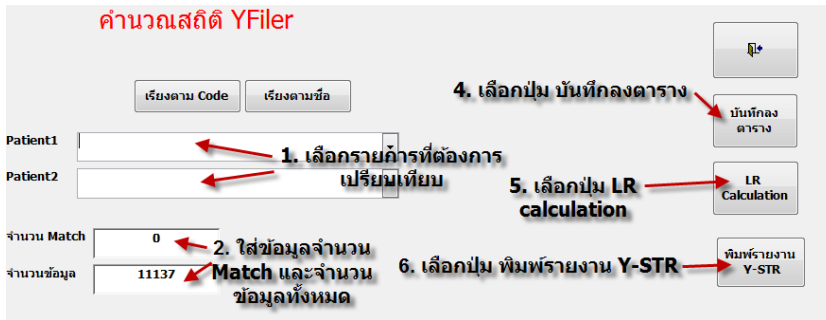
เลือกเปรียบเทียบ ความสัมพันธ์ของ Patient1 และ Patient2 โดยอาจเลือกให้เรียงชื่อตามตัวอักษรโดยการกดปุ่ม **เรียงตามชื่อ** หรืออาจเลือกให้เรียงตามรหัสครอบครัวและรหัสตัวอย่าง โดยการกดปุ่ม **เรียงตาม Code** จากนั้นพิมพ์ชื่อหรือรหัสตัวอย่างในช่อง Patient1 และ Patient2 แล้วใส่ข้อมูลจำนวน Match และจำนวนข้อมูลทั้งหมดลงในช่องว่าง ค่าจำนวน Match และ จำนวนข้อมูลทั้งหมด เป็นค่าที่ได้จากการเปรียบเทียบรูปแบบดีเอ็นเอชนิด mtDNA กับข้อมูลในฐานข้อมูล ด้วยโปรแกรม mtDNA Population Database ที่พัฒนาขึ้นโดย Federal Bureau of Investigation : FBI กระทรวงยุติธรรม ประเทศสหรัฐอเมริกา (<http://www2.fbi.gov/hq/lab/fsc/backissu/april2002/miller1.htm#Accessing the mtDNA Population Database>) แล้วเลือกผลการเปรียบเทียบรูปแบบดีเอ็นเอขึ้นต้นว่า

- คัดไม่ออก เมื่อรูปแบบ mtDNA ของบุคคลทั้งสองเหมือนกันทุกประการ
- คัดออก เมื่อรูปแบบ mtDNA ของบุคคลทั้งสองต่างกันตั้งแต่สองตำแหน่งขึ้นไป
- ไม่สามารถสรุปผลได้ เมื่อรูปแบบ mtDNA ของบุคคลทั้งสองต่างกันเพียง 1 ตำแหน่งเท่านั้น

กดปุ่ม **บันทึกผลตาราง** แล้วกดปุ่ม **LR Calculation** โปรแกรมจะแสดงสถานะ กำลังคำนวณ ให้คอยจนเปลี่ยนเป็นสถานะพร้อมใช้งาน จากนั้นจึงกดปุ่ม **พิมพ์รายงาน mtDNA** เพื่อพิมพ์รายงานผลการตรวจพิสูจน์ mtDNA กรณีที่ต้องการพิมพ์ภาพ mtDNA เปรียบเทียบกัน ให้กดปุ่ม **พิมพ์ภาพ mtDNA** เมื่อต้องการออกจากหน้านี้ ให้กดปุ่ม **ปุ่ม**

### 3.2 คำนวณ Y-STR

กดปุ่ม **คำนวณ Y-STR** (หน้า tab Lineage markers) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่าง การคำนวณทางสถิติ



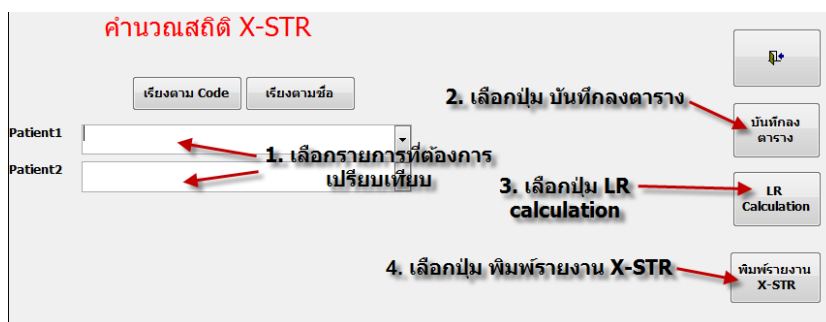
สำหรับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอชนิด Y-STR ให้เลือกเปรียบเทียบ ความสัมพันธ์ของ Patient1 และ Patient2 โดยอาจเลือกให้เรียงชื่อตาม

ตัวอักษรโดยการกดปุ่ม **เรียงตามชื่อ** หรืออาจเลือกให้เรียงตามรหัสครอบครัวและรหัสตัวอย่าง โดยการกดปุ่ม **เรียงตาม Code** จากนั้นพิมพ์ชื่อหรือรหัสตัวอย่างในช่อง Patient1 และ Patient2 แล้วใส่ข้อมูลจำนวน Match และจำนวนข้อมูลทั้งหมดลงในช่องว่าง ค่าจำนวน Match และจำนวนข้อมูลทั้งหมด เป็นค่าที่ได้จากการเปรียบเทียบรูปแบบดีเอ็นเอชนิด Y-STR กับข้อมูลในฐานข้อมูล ที่ website <http://www.yhrd.org> โดยเลือกโปรแกรม Search Haplotypes กดปุ่ม **บันทึกผลตาราง** แล้วกดปุ่ม **LR Calculation** โปรแกรมจะแสดงสถานะ กำลังคำนวณ ให้คอยจนเปลี่ยนเป็นสถานะพร้อมใช้งาน จากนั้นจึงกดปุ่ม **พิมพ์รายงาน Y-STR** เพื่อพิมพ์รายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอชนิด Y-STR เมื่อต้องการออกจากหน้านี้ ให้กดปุ่ม **🏠**

### 3.3 คำนวณ X-STR

กดปุ่ม **คำนวณ X-STR** (หน้า tab Lineage markers) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่าง การคำนวณทางสถิติ

สำหรับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอชนิด X-STR ให้เลือกเปรียบเทียบ ความสัมพันธ์ของ Patient1 และ Patient2 โดยอาจเลือกให้เรียงชื่อตามตัวอักษรโดยการกดปุ่ม **เรียงตามชื่อ** หรืออาจเลือกให้เรียงตามรหัสครอบครัว



และรหัสตัวอย่าง โดยการกดปุ่ม **เรียงตาม Code** จากนั้นพิมพ์ชื่อหรือรหัสตัวอย่างในช่อง Patient1 และ Patient2 กดปุ่ม **บันทึกผลตาราง** แล้วกดปุ่ม

**LR Calculation** โปรแกรมจะแสดงสถานะ กำลังคำนวณ ให้คอยจนเปลี่ยนเป็นสถานะพร้อมใช้งาน จากนั้นจึงกดปุ่ม

พิมพ์รายงาน X-STR

เพื่อพิมพ์รายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอชนิด X-STR เมื่อต้องการออกจากหน้านี้ ให้กดปุ่ม

ปุ่ม

#### 4. พิสูจน์ตัวบุคคล (tab)

เป็นหน้าที่ให้เลือกใช้การคำนวณสถิติสำหรับการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล โดยการตรวจดีเอ็นเอชนิด autosomal STR มีปุ่มให้เลือกเพียง 1 ปุ่ม

4.1 จำนวนพิสูจน์ตัวบุคคล เป็นการคำนวณเพื่อค้นหาว่าวัตถุพยานที่เก็บได้จากที่เกิดเหตุ เป็นของผู้ใด

##### 4.1 จำนวนพิสูจน์ตัวบุคคล

กดปุ่ม **คำนวณพิสูจน์ตัวบุคคล** (หน้า tab Autosomal STR) โปรแกรมจะเปิดหน้าต่าง การคำนวณทางสถิติสำหรับการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลด้วยดีเอ็นเอชนิด autosomal STR ให้เลือกเปรียบเทียบ

ความสัมพันธ์ของ Patient1 และ Patient2 โดยอาจเลือกให้เรียงชื่อตามตัวอักษรโดยการกดปุ่ม **เรียงตามชื่อ**

หรืออาจเลือกให้เรียงตามรหัสครอบครัวและรหัสตัวอย่าง โดยการกดปุ่ม **เรียงตาม Code** จากนั้นพิมพ์ชื่อหรือ

**คำนวณพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล**

1. เลือกวิธีการที่ต้องการเปรียบเทียบ

2. เลือกปุ่ม บันทึกผลตาราง

3. เลือกปุ่ม LR calculation

4. เลือกปุ่ม พิมพ์รายงาน 16 ตำแหน่ง หรือ พิมพ์รายงานทุกตำแหน่ง

รหัสดตัวอย่างในช่อง Patient1 และ Patient2 แล้วกดปุ่ม **บันทึกผลตาราง** จากนั้นกดปุ่ม **LR Calculation** โปรแกรมจะแสดงสถานะ กำลังคำนวณ ให้คอยจนเปลี่ยนเป็นสถานะพร้อมใช้งาน แล้วจึงกด

ปุ่ม **พิมพ์รายงาน 16 ตำแหน่ง** สำหรับการทดสอบด้วยน้ำยา Identifiler หรือกดปุ่ม **พิมพ์รายงานทุกตำแหน่ง** สำหรับการทดสอบด้วยน้ำยา

อื่นๆ สำหรับการระบุค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วม (ancestor coefficient) หรือค่า Theta ( $\theta$ ) โปรแกรมจะยอมให้สามารถใส่ค่าตัวเลขระหว่าง 0.000-1.000 เนื่องจากยังไม่เคยมีรายงานค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วมในประชากรไทย ดังนั้นค่าที่ใช้จึงควรเป็นค่ากลางที่สามารถใช้ได้ประชากรทั่วไป จึงแนะนำให้ใส่ค่า

0.010 (กำหนดเป็นค่าหลัก) เมื่อต้องการออกจากหน้านี้ ให้กดปุ่ม **ปุ่ม**

## 5. Project (tab)

เป็นหน้าที่แสดงโครงการวิจัยจำนวน 2 โครงการ มีตัวอย่างที่ถูกคัดเลือกเข้าศึกษาในโครงการมากน้อยเพียงใด มีปุ่มให้เลือก 2 ปุ่ม



### 5.1 ตัวอย่างสำหรับตรวจ Project 1

### 5.2 ตัวอย่างสำหรับตรวจ Project 2

Status	Name	Surname	Code	SampleID	DateIn	HIDNo	เลือกสำหรับProject 1	
▶	เด็กชาย	แสงอาทิตย์	พิสุนธุ์ก	53001	F001A-2	25/11/2553	53HID1	<input checked="" type="checkbox"/>
	นาย	ประจักษ์	พิสุนธุ์พี	53002	F001M-1	25/11/2553	53HID2	<input checked="" type="checkbox"/>
	นาย	มานน	พิสุนธุ์จ	53003	F001Y-1	25/11/2553	53HID3	<input checked="" type="checkbox"/>
	นาง	สมร	พิสุนธุ์คน	E53004	E53002	25/11/2553	53HID4	<input checked="" type="checkbox"/>
*								<input type="checkbox"/>

กดปุ่ม **ตัวอย่างสำหรับตรวจ project 1** หรือกดปุ่ม **ตัวอย่างสำหรับตรวจ project 2** เพื่อแสดงรายการตัวอย่างที่คัดเลือกเข้า

ศึกษาในโครงการวิจัย โปรแกรมจะแสดง ชื่อ นามสกุล รหัสครอบครัว รหัสตัวอย่าง HID No และสถานะการถูกเลือกเข้าสู่โครงการวิจัย ผู้ใช้สามารถคลิกเครื่องหมายถูก ออก เมื่อต้องการลบตัวอย่างนั้นออกจาก

โครงการวิจัย หรือกดปุ่ม  เมื่อต้องการเพิ่มทะเบียนรายการนี้ หรือกดปุ่ม  เมื่อต้องการออกจากหน้านี้

## 6. V 1.2 (tab)

เป็นหน้าที่แสดงรายการปรับปรุงโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.2

### หมายเหตุ

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.22 ได้มีการปรับเปลี่ยนให้ใช้ค่าความถี่น้อยที่สุด (minimum allele frequency : MAF) คำนวณแทนความถี่อัลลีลที่มีค่าน้อยมากๆหรือไม่พบอัลลีลนั้นๆในประชากร ตามที่กำหนดโดย National Research Council (NRC) II และปรับหน้าแบบฟอร์มการคำนวณค่าทางสถิติต่างๆ ให้ใช้ค่าเรียงตาม code เป็นค่าเริ่มต้น

## โจทย์ตัวอย่างสำหรับการใช้โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.4

จงเพิ่มข้อมูลต่อไปนี้ เข้าไปในโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.4 พร้อมทั้งวิเคราะห์และรายงานความสัมพันธ์ทางสายเลือด

1. นางสาว ศรุตตา ทรายสีเพลิง ถูกอ้างว่าเป็นพี่น้องร่วมบิดามารดาเดียวกันกับ นางสาว ลูกศร ทรายสีฟ้า จึงพากันมาตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ ได้ผลการตรวจดังตารางต่อไปนี้

นางสาว ศรุตตา ทรายสีเพลิง Family Code 57300 Sample ID F300M-1

เกิดที่จังหวัด นครศรีธรรมราช ตัวอย่างตรวจเป็น เลือด

ความสัมพันธ์ พี่

GeneMapperID Project No 57HID100

วันที่รับตัวอย่างตรวจ วันที่ 1 กันยายน 2557

วันที่รายงานผล วันที่ 5 กันยายน 2557

ตำแหน่ง	ASTR
Blood group	O
D8S1179	10, 12
D21S11	31.2, 32.2
D7S820	12, 13
CSF1PO	10, 11
D3S1358	15, 16
THO1	6, 9
D13S317	11, 12
D16S539	12, 12
D2S433	24, 24
D19S433	15, 15
vWA	14, 19
TPOX	8, 9
D18S51	15, 15
D5S818	10, 11
FGA	20.2, 26
Amelogenin	X, X

ลำดับที่	mtDNA
1	16223T
2	16274A
3	16278T
4	16295T
5	16311C
6	16519C
7	73G
8	152C
9	263G
10	309.1C
11	315.1C
12	523DEL
13	524DEL

นางสาว ลูกศร ทรายสีฟ้า Family Code 57300 Sample ID F300M-2

เกิดที่จังหวัด นครศรีธรรมราช ตัวอย่างตรวจเป็น เลือด

ความสัมพันธ์ น้อง

GeneMapperID Project No 57HID100

วันที่รับตัวอย่างตรวจ วันที่ 1 กันยายน 2557

วันที่รายงานผล วันที่ 5 กันยายน 2557

ตำแหน่ง	ASTR
Blood group	O
D8S1179	10, 13
D21S11	29, 29
D7S820	12, 13
CSF1PO	11, 12
D3S1358	15, 15
THO1	6, 6
D13S317	8, 12
D16S539	12, 12
D2S433	18, 18
D19S433	14, 15
vWA	14, 19
TPOX	8, 8
D18S51	13, 15
D5S818	10, 11
FGA	18, 20.2
Amelogenin	X,X

ลำดับที่	mtDNA
1	16223T
2	16274A
3	16278T
4	16295T
5	16311C
6	16519C
7	73G
8	152C
9	263G
10	309.1C
11	315.1C
12	523DEL
13	524DEL

# ผลการตรวจวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด

## กรณีญาติร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน

หน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยา

เลขที่ 57300

ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์

มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

**บุคคลที่ 1 :** นางสาว ศรดา ทรายสีเพลิง (ผู้ถูกกล่าวอ้างว่าเป็น พี่) :

เลขที่ตัวอย่าง F300M-1 วันที่รับตัวอย่าง : 1 กันยายน 2557 ตัวอย่างตรวจ : Blood

**บุคคลที่ 2 :** นางสาว ลูกศร ทรายสีฟ้า (น้อง) :

เลขที่ตัวอย่าง F300M-2 วันที่รับตัวอย่าง : 1 กันยายน 2557 ตัวอย่างตรวจ : Blood

ลำดับที่	F300M-1	F300M-2
1	16223T	16223T
2	16274A	16274A
3	16278T	16278T
4	16295T	16295T
5	16311C	16311C
6	16519C	16519C
7	73G	73G
8	152C	152C
9	263G	263G
10	309.1C	309.1C
11	315.1C	315.1C
12	523D	523D
13	524D	524D

<i>Likelihood ratio</i>	<b>382</b>	<i>Prior Prob</i>	<b>0.500</b>	<i>Probability</i>	<b>99.73918260 %</b>
<i>Match type</i>	<b>Pattern</b>	<i>Disregard indels at position</i>		<b>16193, 309, 455, 573</b>	
<i>No of match record</i>	<b>0</b>	<i>Total records in Database</i>		<b>1,144</b>	
<i>Haplotype frequency (upper 95%CI)</i>	<b>0.261500</b>			<b>% (Using Clopper-Pearson method)</b>	

จากการเปรียบเทียบลำดับเบสของสารพันธุกรรมบริเวณ control region บนไมโทคอนเดรียของผู้รับการตรวจกับสารพันธุกรรมอ้างอิง (rCRS: NC012920; Andrews et al.,1990) พบว่า

1. นางสาว ศรดา ทรายสีเพลิง ไม่ถูกคัดออกจากการเป็นญาติร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน เช่น พี่-น้อง (ร่วมแม่เดียวกัน) กับ นางสาว ลูกศร ทรายสีฟ้า
2. ความเชื่อมั่นที่ นางสาว ศรดา ทรายสีเพลิง เป็นญาติร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน กับนางสาว ลูกศร ทรายสีฟ้า เท่ากับ ร้อยละ 99.73918260 เมื่อคำนวณจากฐานข้อมูลประชากรเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ (<http://empop.org>) โดยสันนิษฐานค่า Prior Prob = 0.50

.....  
(นางจินตนา ประดงกาญจนา)  
นักเทคนิคการแพทย์ชำนาญการพิเศษ  
ผู้รายงานผลการตรวจ  
วันที่

.....  
(นายสุคนธ์ ประดงกาญจนา)  
นักเทคนิคการแพทย์ชำนาญการพิเศษ  
ผู้ตรวจสอบผลการตรวจ  
วันที่



**ผลการตรวจวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด  
กรณี PI, FS, HS, FC, II**

หน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยา II

เลขที่ **57300**

ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์ II

มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ II

**บุคคลที่ 1 : นางสาว ศรดา ทราบสีเพลิง (ผู้ถูกกล่าวอ้างว่าเป็น พี่) :**

เลขที่ตัวอย่าง F300M-1 วันที่รับตัวอย่าง : 1 กันยายน 2557 ตัวอย่างตรวจ : Blood

**บุคคลที่ 2 : นางสาว ลุกศร ทราบสีฟ้า (น้อง) :**

เลขที่ตัวอย่าง F300M-2 วันที่รับตัวอย่าง : 1 กันยายน 2557 ตัวอย่างตรวจ : Blood

	<b>LociName</b>	<b>F300M-1</b>	<b>F300M-2</b>	<b>PI</b>	<b>FS</b>	<b>HS</b>	<b>FC</b>	<b>II</b>
1	D8S1179	10, 12	10, 13	1.5909	1.0455	1.2955	1.1477	0.5000
2	D21S11	31.2, 32.2	29, 29	0.0029	0.2500	0.5000	0.7500	0.0029
3	D7S820	12, 13	12, 13	8.4401	23.1400	4.7201	2.8600	2.8764
4	CSF1PO	10, 11	11, 12	0.8240	0.6620	0.9120	0.9560	0.5000
5	D3S1358	15, 16	15, 15	1.7109	1.1054	1.3554	1.1777	1.3900
6	TH01	6, 9	6, 6	4.6959	2.5980	2.8480	1.9240	3.2933
7	D13S317	11, 12	8, 12	1.6979	1.0990	1.3490	1.1745	0.5000
8	D16S539	12, 12	12, 12	3.4784	5.0900	2.2392	1.6196	2.3804
9	D2S1338	24, 24	18, 18	0.0017	0.2500	0.5000	0.7500	0.0017
10	D19S433	15, 15	14, 15	5.2458	2.8729	3.1229	2.0615	0.5000
11	vWA	14, 19	14, 19	3.2713	6.2380	2.1357	1.5678	1.8767
12	TPOX	8, 9	8, 8	0.8681	0.6841	0.9341	0.9670	0.9361
13	D18S51	15, 15	13, 15	1.8911	1.1956	1.4456	1.2228	0.5000
14	D5S818	10, 11	10, 11	1.9540	3.0853	1.4770	1.2385	1.4686
15	FGA	20.2, 26	18, 20.2	20.1357	10.3178	10.5678	5.7839	0.5000
16	Amelogenin	X, Y	X, Y	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
17	Blood Group	O (โอา)	O (โอา)	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000

**CPI 2.82249314 PostProbPI 73.8390636 %**

**CFS 7,502.36 PostProbFS 99.98667264 % Theta 0.010**

**CHS 2,285.02 PostProbHS 99.95625587 % Prior Prob. 0.500**

**CFC 208.29 PostProbFC 99.52219701 %**

**CH 0.00000613 PostProbII .000612825 % (Theta = 0.0; Prior Prob = 0.500)**

**Mutation 2 ( D21S11, D2S1338, )**

2. นางสาวลันตา ดริ้ม ถูกฟ้องเพื่อขอแบ่งมรดก โดย นางสาว ธัญญาเรศ ลาเบล อ้างว่าเป็นพี่-น้องร่วมมารดาเดียวกันแต่คนละบิดา ศาลจึงสั่งให้ทั้งสองคนมาตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอที่หน่วยงานท่าน ได้ผลดังแสดง

นางสาวลันตา ดริ้ม Family Code 57301 Sample ID F301M-1

เกิดที่จังหวัด ชลบุรี ตัวอย่างตรวจเป็น เซลล์เยื่อกระดูกซี่โครง  
ความสัมพันธ์ พี่

GeneMapperID Project No 57HID100

วันที่รับตัวอย่างตรวจ วันที่ 2 กันยายน 2557

วันที่รายงานผล วันที่ 7 กันยายน 2557

ตำแหน่ง	ASTR
D8S1179	11, 13
D21S11	30, 31
D7S820	8, 11
CSF1PO	10, 11
D3S1358	14, 16
THO1	6, 8
D13S317	9, 12
D16S539	9, 12
D2S433	23, 25
D19S433	14, 15.2
vWA	16, 17
TPOX	8, 8
D18S51	16, 17
D5S818	10, 12
FGA	18, 24
Amelogenin	X, X

ลำดับที่	mtDNA
1	16140C
2	16183C
3	16189C
4	16266A
5	16519C
6	73G
7	210G
8	228A
9	263G
10	309.1C
11	315.1C
12	385T
13	523DEL
14	524DEL

นางสาวธัญญาเรศ ลาเบล Family Code 57301 Sample ID F301M-2

เกิดที่จังหวัด ชลบุรี ตัวอย่างตรวจเป็น เซลล์เยื่อกระดูกฟุ้งแก้ม

ความสัมพันธ์ น้อง

GeneMapperID Project No 57HID100

วันที่รับตัวอย่างตรวจ วันที่ 2 กันยายน 2557

วันที่รายงานผล วันที่ 7 กันยายน 2557

ตำแหน่ง	ASTR
D8S1179	11, 13
D21S11	29, 30
D7S820	9, 12
CSF1PO	10, 11
D3S1358	16, 17
THO1	6, 7
D13S317	8, 8
D16S539	10, 11
D2S433	20, 23
D19S433	13, 14
vWA	18, 18
TPOX	8, 8
D18S51	11, 16
D5S818	12, 14
FGA	24, 25
Amelogenin	X, X

ลำดับที่	mtDNA
1	16111T
2	16168T
3	16172C
4	16183C
5	16189C
6	16223T
7	16354A
8	16362C
9	16519C
10	73G
11	152C
12	263G
13	309.1C
14	309.2C
15	315.1C

# ผลการตรวจวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด

## กรณีญาติร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน

หน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยา  
ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์  
มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

เลขที่ 57301

บุคคลที่ 1 : นางสาว ลันดา ดริ้ม (ผู้ถูกกล่าวอ้างว่าเป็น พี่) :

เลขที่ตัวอย่าง F301M-1 วันที่รับตัวอย่าง : 2 กันยายน 2557 ตัวอย่างตรวจ : Buccal cells

บุคคลที่ 2 : นางสาว ธัญญาเรศ ลาเบล (น้อง) :

เลขที่ตัวอย่าง F301M-2 วันที่รับตัวอย่าง : 2 กันยายน 2557 ตัวอย่างตรวจ : Buccal cells

ลำดับที่	F301M-1	F301M-2
1	16140C	16111T
2	16183C	16168T
3	16189C	16172C
4	16266A	16183C
5	16519C	16189C
6	73G	16223T
7	210G	16354A
8	228A	16362C
9	263G	16519C
10	309.1C	73G
11	315.1C	152C
12	385T	263G
13	523D	309.1C
14	524D	309.2C
15		315.1C

<i>Likelihood ratio</i>	<b>0</b>	<i>Prior Prob</i>	<b>0.500</b>	<i>Probability</i>	<b>0.00000000 %</b>
<i>Match type</i>	<b>Pattern</b>	<i>Disregard indels at position</i>		<b>16193, 309, 455, 573</b>	
<i>No of match record</i>	<b>0</b>	<i>Total records in Database</i>		<b>0</b>	
<i>Haplotype frequency (upper 95%CI)</i>	<b>0.000000</b>			<b>% (Using Clopper-Pearson method)</b>	

จากการเปรียบเทียบลำดับเบสของสารพันธุกรรมบริเวณ control region บนไมโทคอนเดรียของผู้รับการตรวจกับสารพันธุกรรมอ้างอิง (rCRS: NC012920; Andrews et al.,1990) พบว่า

\*\*\* นางสาว ลันดา ดริ้ม ไม่มีความสัมพันธ์เป็นญาติร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน เช่น พี่-น้อง กับ นางสาว ธัญญาเรศ ลาเบล โดยมีตำแหน่งที่เข้ากันไม่ได้ ตั้งแต่ 2 ตำแหน่งขึ้นไป

.....  
(นางจินดนา ประดุงกาญจนา)  
นักเทคนิคการแพทย์ชำนาญการพิเศษ  
ผู้รายงานผลการตรวจ  
วันที่

.....  
(นายสุคนธ์ ประดุงกาญจนา)  
นักเทคนิคการแพทย์ชำนาญการพิเศษ  
ผู้ตรวจสอบผลการตรวจ  
วันที่

ผลการตรวจวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด

กรณี PI, FS, HS, FC, II

หน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยา

เลขที่ **57301**

ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์

มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์

บุคคลที่ 1 : นางสาว ลันดา ดรัมย์ (ผู้ถูกกล่าวอ้างว่าเป็น พี่) :

เลขที่ตัวอย่าง F301M-1 วันที่รับตัวอย่าง : 2 กันยายน 2557 ตัวอย่างตรวจ : Buccal cells

บุคคลที่ 2 : นางสาว ธัญญาเรศ ลาเบล (น้อง) :

เลขที่ตัวอย่าง F301M-2 วันที่รับตัวอย่าง : 2 กันยายน 2557 ตัวอย่างตรวจ : Buccal cells

	LociName	F301M-1	F301M-2	PI	FS	HS	FC	II
1	D8S1179	11, 13	11, 13	3.4542	7.6463	2.2271	1.6136	2.2206
2	D21S11	30, 31	29, 30	1.0595	0.7798	1.0298	1.0149	0.5000
3	D7S820	8, 11	9, 12	0.0018	0.2500	0.5000	0.7500	0.0018
4	CSF1PO	10, 11	10, 11	2.0611	3.2993	1.5306	1.2653	1.4988
5	D3S1358	14, 16	16, 17	0.6978	0.5989	0.8489	0.9245	0.5000
6	TH01	6, 8	6, 7	2.5861	1.5430	1.7930	1.3965	0.5000
7	D13S317	9, 12	8, 8	0.0026	0.2500	0.5000	0.7500	0.0026
8	D16S539	9, 12	10, 11	0.0019	0.2500	0.5000	0.7500	0.0019
9	D2S1338	23, 25	20, 23	1.4294	0.9647	1.2147	1.1073	0.5000
10	D19S433	14, 15.2	13, 14	1.0386	0.7693	1.0193	1.0097	0.5000
11	vWA	16, 17	18, 18	0.0029	0.2500	0.5000	0.7500	0.0029
12	TPOX	8, 8	8, 8	1.7072	1.8374	1.3536	1.1768	1.3723
13	D18S51	16, 17	11, 16	1.4635	0.9817	1.2317	1.1159	0.5000
14	D5S818	10, 12	12, 14	1.0750	0.7875	1.0375	1.0188	0.5000
15	FGA	18, 24	24, 25	1.7103	1.1052	1.3552	1.1776	0.5000
16	Amelogenin	X, X	X, X	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
17	Blood Group	B (บี)	B (บี)	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000

*CPI* **0.00000000** *PostProbPI* **2.31061E-07 %**

*CFS* **0.08274033** *PostProbFS* **7.641751968 %**

*Theta* **0.010**

*CHS* **0.96924764** *PostProbHS* **49.21918505 %**

*Prior Prob.* **0.500**

*CFC* **1.49073643** *PostProbFC* **59.85123163 %**

*CH* **0.00000000** *PostProbII* **4.44020E-11 %** (*Theta* = 0.0; *Prior Prob* = **0.500**)

*Mutation* **4** (**D13S317, D16S539, D7S820, vWA, )**