

โปรแกรมฐานข้อมูลสำหรับการคำนวณค่าทางสถิติ ในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอทางนิติเวชศาสตร์

สุคนธ์ ประดุกกาญจนา*
 จินตนา ประดุกกาญจนา
 สุวิทย์ เรืองกิตติสกุล

Database Software for Analysis of Statistical Values in Forensic DNA Typing.

Sukone Pradutkanchana, Jintana Pradutkanchana, Suwit Rueangkittisakul
 Department of Pathology, Faculty of Medicine, Prince of Songkla University,
 Hat Yai, Songkhla, 90110, Thailand

*Email: mitojin@live.com

Songkla Med J 2011;29(3):143-153

บทคัดย่อ:

รายงานนี้เป็นการนำเสนอโปรแกรมฐานข้อมูลโปรแกรมใหม่ที่พัฒนาให้มีความเหมาะสมสำหรับคำนวณค่าทางสถิติพื้นฐานทางนิติเวชศาสตร์ในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ ได้แก่ (1) การตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล (2) การตรวจความสัมพันธ์พ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก (3) การตรวจความสัมพันธ์พี่น้องกรณีร่วมพ่อและแม่เดียวกัน (full sibling) โดยวิเคราะห์จาก autosomal short tandem repeat (STR) (4) การตรวจความสัมพันธ์พี่น้องกรณีร่วมพ่อเดียวกันแต่คนละแม่ หรือ ร่วมแม่เดียวกันแต่คนละพ่อ หรือ ความสัมพันธ์ปู่-หลาน หรือ ย่า-หลาน หรือ ตา-หลาน หรือ ยาย-หลาน หรือ ลุง-หลาน หรือ ป้า-หลาน หรือ น้ำ-หลาน หรือ อา-หลาน (half sibling) โดยวิเคราะห์จาก autosomal STR (5) การตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือดร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน (maternal lineage) โดยวิเคราะห์จาก mitochondrial deoxyribonucleic acid (DNA) (6) การตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือดร่วมบรรพบุรุษสายพ่อเดียวกัน (paternal lineage) โดยวิเคราะห์จาก Y-STR และ (7) การตรวจความสัมพันธ์พี่น้องที่เป็นเพศหญิงร่วมพ่อเดียวกัน หรือความสัมพันธ์ย่า-หลานสาว โดยวิเคราะห์จาก X-STR โปรแกรมนี้สามารถเก็บข้อมูลรูปแบบดีเอ็นเอได้หลายชนิด ได้แก่ autosomal STR, Y-STR, X-STR และ mitochondrial DNA นอกจากนี้ยังสามารถใช้ค้นหาข้อมูลตัวอย่างตรวจได้ โปรแกรมนี้เหมาะสำหรับ

ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อ.หาดใหญ่ จ.สงขลา 90110

รับต้นฉบับวันที่ 11 มีนาคม 2554 รับลงตีพิมพ์วันที่ 28 กรกฎาคม 2554

การคำนวณค่าสถิติทางนิติเวชศาสตร์ในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอในประเทศไทย เนื่องจากใช้ฐานข้อมูลความถี่อัลลีลของประชากรไทย พร้อมทั้งยังสามารถรายงานผลการคำนวณทางสถิติที่เกี่ยวข้อง และแปลผลการคำนวณเบื้องต้นได้

คำสำคัญ: การตรวจพิสูจน์พ่อ-ลูกหรือแม่-ลูก, การตรวจพิสูจน์พี่น้อง, ดีเอ็นเอ, โปรแกรม, PSU CalPat

Abstract:

New database software for calculating statistical values in forensic deoxyribonucleic acid (DNA) typing is presented. This software can be applied to various tasks including (i) person identification, (ii) paternity testing or maternity testing, (iii) full sibling testing using autosomal short tandem repeat (STR), (iv) half sibling testing using autosomal STR, (v) maternal lineage testing using mitochondrial DNA analysis, (vi) paternal lineage testing using Y-STR analysis and (vii) sibling analysis of two females having the same biological father or relationship testing between paternal grandmother and granddaughter by using X-STR. Various DNA data such as autosomal STR, Y-STR, X-STR and mitochondrial DNA can be stored in the database. DNA data can be searched by sorted name or sorted family code. This program is suited for estimating statistical values in the Thai population because the Thai allele frequency database is used for background calculations. In addition, the printout from this software can be used as a DNA typing report. All necessary forensic statistical values and fundamental interpretation are also included in this report.

Key words: DNA, kinship analysis, paternity analysis, PSU CalPat, software

บทนำ

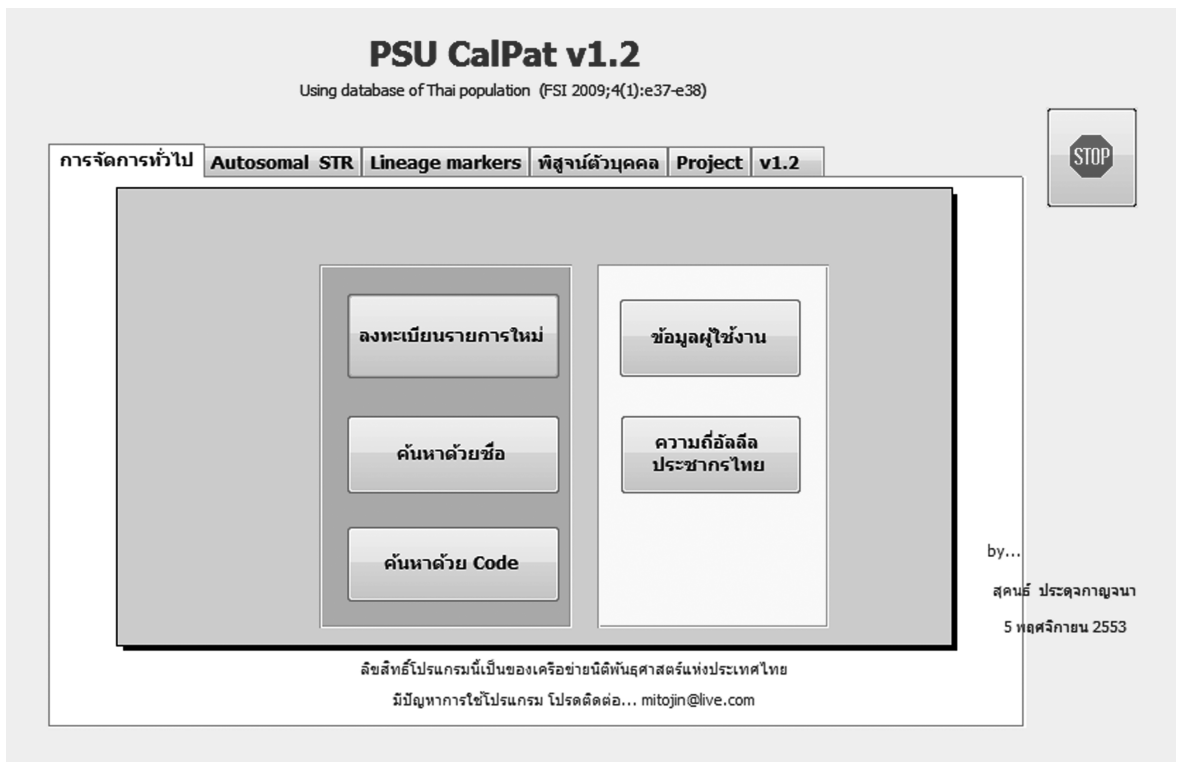
การคำนวณค่าทางสถิติในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ เช่น การคำนวณ likelihood ratio ในงานตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล การคำนวณ combined paternity index ในงานตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือด พ่อ-แม่-ลูก การคำนวณทางสถิติในการบอกความสัมพันธ์พี่น้อง ตลอดจนการคำนวณค่าความเชื่อมั่นของการมีความสัมพันธ์ทางสายเลือดเมื่อตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ (posterior probability) แม้ว่าจะสามารถคำนวณด้วยเครื่องคิดเลข หรือใช้โปรแกรมแผ่นตารางทำการ (spreadsheet) ได้ก็ตาม แต่ใช้เวลาในการคำนวณค่อนข้างมาก และมีสูตรคำนวณซับซ้อน ปัจจุบันมีโปรแกรมสำเร็จรูป

หลายโปรแกรมที่สามารถนำมาใช้ในการคำนวณค่าทางสถิติเหล่านี้ เช่น DNA-View, Genotype, Genoproof เป็นต้น โปรแกรมเหล่านี้มักมีราคาแพง อาจมีบางโปรแกรมที่อนุญาตให้ใช้ได้ฟรี เช่น EasyDNA, Patcan, PatPCR แต่มักจำกัดฐานข้อมูลความถี่อัลลีลจำเพาะต่อประชากรบางเชื้อชาติ ไม่เหมาะที่จะใช้คำนวณในประชากรไทย ผู้เขียนจึงพัฒนาโปรแกรมฐานข้อมูลที่มีความสามารถเก็บข้อมูลดีเอ็นเอในฐานข้อมูลได้ทุกระบบ ได้แก่ autosomal STR, Y-STR, X-STR และ mitochondrial DNA และสามารถคำนวณค่าทางสถิติพื้นฐานสำหรับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอในงานนิติเวชศาสตร์ โดยใช้ความถี่อัลลีลของประชากรไทย

รายละเอียดโปรแกรม

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.2 เป็นโปรแกรมด้านฐานข้อมูล (รูปที่ 1) ที่เขียนขึ้นจากโปรแกรม Microsoft Access version 2003® (Microsoft® ประเทศสหรัฐอเมริกา) ให้มีความสามารถในการเก็บข้อมูลรูปแบบดีเอ็นเอชนิดต่างๆ ได้แก่ autosomal STR, Y-STR, X-STR และ mitochondrial DNA สามารถค้นหาข้อมูล และคำนวณค่าทางสถิติพื้นฐานทางนิติเวชศาสตร์ เช่น การตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล การตรวจความสัมพันธ์พ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก การตรวจความสัมพันธ์พี่น้องกรณีร่วมพ่อและแม่เดียวกัน (full sibling) โดยวิเคราะห์จาก autosomal STR การตรวจความสัมพันธ์พี่น้องกรณีร่วมพ่อเดียวกันแต่คนละแม่หรือร่วมแม่เดียวกันแต่คนละพ่อ หรือ ความสัมพันธ์

ปู่-หลาน หรือ ย่า-หลาน หรือ ตา-หลาน หรือ ยาย-หลาน หรือ ลุง-หลาน หรือ ป้า-หลาน หรือ น้า-หลาน หรือ อา-หลาน (half sibling) โดยวิเคราะห์จาก auto-somal STR การตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือดร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน (maternal lineage) โดยวิเคราะห์จาก mitochondrial DNA การตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือดร่วมบรรพบุรุษสายพ่อเดียวกัน (paternal lineage) โดยวิเคราะห์จาก Y-STR และการตรวจความสัมพันธ์พี่น้องที่เป็นเพศหญิงร่วมพ่อเดียวกัน หรือความสัมพันธ์ย่า-หลานสาว โดยวิเคราะห์จาก X-STR พร้อมทั้งยังสามารถรายงานผลการคำนวณทางสถิติที่เกี่ยวข้อง และแปลผลการคำนวณเบื้องต้นได้



รูปที่ 1 หน้าแรกของโปรแกรม PSU CalPat รุ่นที่ 1.2

ความถี่อัลลีลประชากรไทย

ฐานข้อมูลความถี่อัลลีลประชากรไทย ใช้จากข้อมูลความถี่อัลลีลประชากรไทยจากทุกภูมิภาคของประเทศ ไทย รวมจำนวน 929 คน ที่รายงานโดย Shotivaranon และคณะ¹ กรณีอัลลีลที่ไม่พบในฐานข้อมูลนี้ การคำนวณค่าทางสถิติจะถูกคำนวณจากความถี่อัลลีลน้อยที่สุด (minimum allele frequency; MAF) ตามคำนิยามของ National Research Council (NRC) II² โดยใช้สูตร $MAF = 5/(2N)$ เมื่อ N เป็นจำนวนข้อมูลในฐานข้อมูล และกำหนดค่าสัมประสิทธิ์การมีบุพการีร่วม (θ : theta) เป็นค่าตั้งต้นสำหรับประชากรไทยที่ 0.01 อย่างไรก็ตามค่า θ สามารถปรับเปลี่ยนได้ตั้งแต่ 0.000-1.000

ข้อมูล

บันทึกข้อมูลทั่วไปของผู้เข้ารับการตรวจดีเอ็นเอ ได้แก่ สถานะ ชื่อ ชื่อสกุล รหัสครอบครัว รหัสตัวอย่าง ความเป็นคนไทย ความสัมพันธ์กับบุคคลที่เข้ารับการตรวจ ชนิดของตัวอย่างตรวจ เลขที่ไฟล์อิเล็กทรอนิกส์โปรแกรม วันที่เก็บตัวอย่าง วันที่รายงานผล พร้อมทั้งข้อมูลรูปแบบดีเอ็นเอชนิดต่างๆ ได้แก่ autosomal STR, Y-STR, X-STR และ mitochondrial DNA ข้อมูลชื่อ ชื่อสกุล วันที่เก็บตัวอย่าง และวันที่รายงานผล เป็นข้อมูลสำคัญที่จำเป็นต้องบันทึกให้ครบถ้วนทุกครั้ง

ลักษณะข้อมูลที่เป็นตัวเลข ให้บันทึกในช่อง Allele 1 และ/หรือ Allele 2 ส่วนข้อมูลที่เป็นตัวอักษร ให้บันทึกในช่อง remark

การค้นหา

สามารถค้นหาได้จาก ชื่อ-ชื่อสกุล ซึ่งเรียงตามตัวอักษร หรือค้นหาได้จากรหัสครอบครัว รหัสตัวอย่าง ตรวจ

การคำนวณค่าทางสถิติ

การคำนวณค่าทางสถิติต่างๆ ของโปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.2 ถูกออกแบบให้มีการจับคู่คำนวณแบบ Duo เช่น พ่อ-ลูก แม่-ลูก พี่-น้อง

ยาย-หลาน ลุง-หลาน เป็นต้น โดยสามารถคำนวณค่าทางสถิติที่ใช้งานทางนิติเวชศาสตร์ในกรณีต่างๆ ดังนี้

กรณีตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล

คำนวณตามสูตรของ Evett และ Weir³ ดังนี้

$$P_i = \frac{[2\theta + (1-\theta)p_i][3\theta + (1-\theta)p_i]}{(1+\theta)(1+2\theta)}$$

เมื่ออัลลีล $A_i A_i = A_i A_i$

$$P_i = \frac{2[\theta + (1-\theta)p_i][\theta + (1-\theta)p_j]}{(1+\theta)(1+2\theta)}$$

เมื่ออัลลีล $A_i A_j = A_i A_j$

$$P = \prod P_i$$

เมื่อ P = total matching probability

และ P_i = matching probability

หากรูปแบบดีเอ็นเอที่ตำแหน่งใดตำแหน่งหนึ่งเป็นลักษณะไม่ครบส่วน (partial profile) ซึ่งเกิดจาก allele dropout การคำนวณใช้สูตร $p(2-p)$ ตามที่อธิบายโดย Buckleton⁴ (ตารางที่ 1)

กรณีตรวจความสัมพันธ์ พ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก

คำนวณตามสูตรของ Balding และ Nichols⁵ (ตารางที่ 2)

กรณีที่เกิดการกลายพันธุ์ตำแหน่งที่เกิดการกลายพันธุ์ทุกตำแหน่งจะถูกคำนวณค่าทางสถิติร่วมด้วย โดยใช้สูตร simple model of mutation⁶ โดยประมาณค่า paternity index ตำแหน่งที่เกิดการกลายพันธุ์ดังนี้

$$PI = \frac{\mu}{A}$$

เมื่อ PI = paternity index ของตำแหน่งที่เกิดการกลายพันธุ์ μ = mutation rate ของตำแหน่งที่เกิด

การกลายพันธุ์ และ A = average probability of exclusion ของตำแหน่งที่เกิดการกลายพันธุ์

กรณีตรวจพี่-น้องร่วมพ่อและแม่เดียวกัน (full sibling) โดยการตรวจ autosomal STR

คำนวณตามสูตรของ Evett และ Weir ที่อ้างอิงโดย Ayres⁷ (ตารางที่ 3)

กรณีตรวจพี่-น้องร่วมพ่อเดียวกันแต่คนละแม่ หรือ ร่วมแม่เดียวกันแต่คนละพ่อ หรือ ปู่-หลาน หรือ ย่า-หลาน หรือ ตา-หลาน หรือ ยาย-หลาน หรือ ลุง-หลาน หรือ ป้า-หลาน หรือ น้า-หลาน หรือ อา-หลาน (half sibling) โดยการตรวจ autosomal STR

คำนวณตามสูตรของ Evett และ Weir ที่อ้างอิงโดย Ayres⁷ (ตารางที่ 4)

ตารางที่ 1 สูตรคำนวณค่าทางสถิติ กรณีรูปแบบดีเอ็นเอไม่ครบส่วน

Genotype of stain	Suspect	Formula “p(2-p) Equivalent”
$A_i (\theta)$	$A_i A_i$	$\frac{2\theta+(1-\theta)pi}{1+\theta} (2-\frac{3\theta+(1-\theta)pi}{1+2\theta})$
	$A_i A_x$	$\frac{\theta+(1-\theta)pi}{1+\theta} (2-\frac{2\theta+(1-\theta)pi}{1+2\theta})$

ตารางที่ 2 สูตรคำนวณค่าทางสถิติ กรณีตรวจความสัมพันธ์พ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก

เด็ก	ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นบิดา	Likelihood ratio
AA	AA	$\frac{1+2\theta}{3\theta+(1-\theta)pA}$
AA	AB	$\frac{1+2\theta}{2(2\theta+(1-\theta)pA)}$
AB	AA	$\frac{1+2\theta}{2(2\theta+(1-\theta)pA)}$
AB	AB	$\frac{1+2\theta}{4(\theta+(1-\theta)pA)} + \frac{1+2\theta}{4(\theta+(1-\theta)pB)}$
AB	AC	$\frac{1+2\theta}{4(\theta+(1-\theta)pA)}$

ตารางที่ 3 สูตรคำนวณค่าทางสถิติ กรณีตรวจความสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อและแม่เดียวกัน (full sibling) โดยการตรวจ autosomal STR

Tested individuals		Likelihood ratio for full sibling
AA, AA	$\frac{1}{4} + \frac{1+2\theta}{2(3\theta+(1-\theta)pA)} + \frac{(1+\theta)(1+2\theta)}{4(2\theta+(1-\theta)pA)(3\theta+(1-\theta)pA)}$	
AA, AB	$\frac{1}{4} + \frac{1+2\theta}{4(2\theta+(1-\theta)pA)}$	
AA, BB	$\frac{1}{4}$	
AA, BC	$\frac{1}{4}$	
AB, AB	$\frac{1}{4} + \frac{1+2\theta}{8(\theta+(1-\theta)pA)} + \frac{1+2\theta}{8(\theta+(1-\theta)pB)} + \frac{(1+\theta)(1+2\theta)}{8(\theta+(1-\theta)pA)(\theta+(1-\theta)pB)}$	
AB, AC	$\frac{1}{4} + \frac{1+2\theta}{8(\theta+(1-\theta)pA)}$	
AB, CD	$\frac{1}{4}$	

ตารางที่ 4 สูตรคำนวณค่าทางสถิติ กรณีตรวจความสัมพันธ์พี่น้องร่วมพ่อเดียวกันแต่คนละแม่ หรือ ร่วมแม่เดียวกันแต่คนละพ่อ หรือ ปู่-หลาน หรือ ย่า-หลาน หรือ ตา-หลาน หรือ ยาย-หลาน หรือ ลุง-หลาน หรือ ป้า-หลาน หรือ น้า-หลาน หรือ อา-หลาน (half sibling) โดยการตรวจ autosomal STR

Tested individuals		Likelihood ratio for half sibling
AA, AA	$\frac{1}{2} + \frac{1+2\theta}{2(3\theta+(1-\theta)pA)}$	
AA, AB	$\frac{1}{2} + \frac{1+2\theta}{4(2\theta+(1-\theta)pA)}$	
AA, BB	$\frac{1}{2}$	
AA, BC	$\frac{1}{2}$	

ตารางที่ 4 (ต่อ)

Tested individuals	Likelihood ratio for half sibling
AB, AB	$\frac{1}{2} + \frac{1+2\theta}{8(\theta+(1-\theta)pA)} + \frac{1+2\theta}{8(\theta+(1-\theta)pB)}$
AB, AC	$\frac{1}{2} + \frac{1+2\theta}{8(\theta+(1-\theta)pA)}$
AB, CD	$\frac{1}{2}$

กรณีตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือดร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน โดยการตรวจ mitochondrial DNA

การคำนวณค่าทางสถิติสำหรับการพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน โดยการตรวจลำดับเบสบนสายไมโทคอนเดรีย บริเวณ control region ทั้งเส้น (ตำแหน่งที่ 16024 ถึง ตำแหน่งที่ 576 เมื่อเปรียบเทียบกับลำดับเบสอ้างอิงของ revised Cambridge Reference Sequence: rCRS⁹) หรือแยกตรวจลำดับเบสเพียงบางส่วน เช่น ตรวจสาย hypervariable region I (HV I) ร่วมกับตรวจสาย hypervariable region II (HV II) สามารถคำนวณค่าความถี่ในการตรวจพบรูปแบบดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย (mitochondrial haplotype) จากฐานข้อมูลได้ด้วยโปรแกรม mtDNA Population Database⁹ ซึ่งพัฒนาโดย Federal Bureau of Investigation (FBI) กระทรวงยุติธรรม ประเทศสหรัฐอเมริกา จากนั้นนำค่าจำนวนข้อมูลที่ตรวจพบรูปแบบดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในฐานข้อมูล และจำนวนข้อมูลทั้งหมดของกลุ่มประชากรที่ค้นหา ใส่ลงในแบบฟอร์มที่กำหนด แล้วเลือกผลเปรียบเทียบความสัมพันธ์ โปรแกรมจะคำนวณค่า likelihood ratio และ posterior probability ให้ โดยคำนวณค่าความถี่รูปแบบดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย ด้วยวิธี direct counting method¹⁰ ดังนี้

- กรณีค้นหารูปแบบดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียแล้วพบว่ามีซ้ำกับรูปแบบดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในฐานข้อมูล ใช้สูตร

$$p = \frac{X}{N}$$

เมื่อ p เป็นค่าความถี่ของรูปแบบดีเอ็นเอไมโทคอนเดรีย X เป็นจำนวนที่พบรูปแบบดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ค้นหาในฐานข้อมูล (พบกี่ครั้ง) N เป็นจำนวนข้อมูลรูปแบบดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียทั้งสิ้นในฐานข้อมูล จากนั้นจึงคำนวณหาค่าบนของช่วงความเชื่อมั่นที่ร้อยละ 95 (upper bound of 95% confidence interval) ของความถี่ ดังนี้

ค่าบนของช่วงความเชื่อมั่นที่ร้อยละ 95 ของความถี่ =

$$p + 1.96 \sqrt{\frac{(p)(1-p)}{N}}$$

- กรณีค้นหารูปแบบดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียในฐานข้อมูลแล้วไม่พบรูปแบบดีเอ็นเอดังกล่าวในฐานข้อมูลเลย คำนวณดังนี้

ค่าบนของช่วงความเชื่อมั่นที่ร้อยละ 95 ของความถี่ =

$$1 - \alpha \frac{1}{N}$$

เมื่อ α เป็นค่าสัมประสิทธิ์ความเชื่อมั่น (ใช้ค่า 0.05 สำหรับช่วงความเชื่อมั่นที่ร้อยละ 95) N เป็นจำนวนข้อมูลรูปแบบดีเอ็นเอไมโตคอนเดรียทั้งสิ้นในฐานข้อมูล

กรณีตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือดร่วมบรรพบุรุษสายพ่อเดียวกัน โดยการตรวจ Y-STR

การคำนวณค่าความถี่ในการตรวจพบรูปแบบดีเอ็นเอของ Y-STR (Y-STR haplotype) จะต้องใช้ร่วมกับโปรแกรม Search Haplotypes¹¹ นำค่าจำนวนข้อมูลที่ตรวจพบรูปแบบดีเอ็นเอบนโครโมโซมเพศชายในฐานข้อมูล และจำนวนข้อมูลทั้งหมดของกลุ่มประชากรที่ค้นหาในฐานข้อมูล ใส่ลงในแบบฟอร์มที่กำหนด โปรแกรมจะคำนวณค่า likelihood ratio และ posterior probability โดยใช้สูตรคำนวณเช่นเดียวกับการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน โดยการตรวจลำดับเบสบนสายไมโตคอนเดรีย

กรณีตรวจความสัมพันธ์พี่-น้องเพศหญิงร่วมพ่อเดียวกัน หรือ ย่า-หลานสาว โดยการตรวจ X-STR

การตรวจการเข้ากันได้ของรูปแบบดีเอ็นเอชนิด X-STR โปรแกรมจะเปรียบเทียบเฉพาะรูปแบบดีเอ็นเอว่าเข้ากันได้หรือไม่ และรายงานผลการเปรียบเทียบโดยไม่มีกรคำนวณค่าทางสถิติ likelihood ratio และ posterior probability เนื่องจากยังไม่มีรายงานความถี่ของรูปแบบดีเอ็นเอบนโครโมโซมเอกซ์ และความถี่อัลลีลของดีเอ็นเอบนโครโมโซมเอกซ์ในประเทศไทย

วิจารณ์

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.2 เหมาะสำหรับใช้คำนวณค่าสถิติพื้นฐานทางนิติเวชศาสตร์ ในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอกรณีต่างๆ เช่น การตรวจเอกลักษณ์

บุคคล การตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือด พ่อ-ลูก แม่-ลูก พี่-น้อง และอื่นๆ โดยสามารถเก็บข้อมูลดีเอ็นเอได้หลายชนิด ได้แก่ autosomal STR, Y-STR, X-STR และ mitochondrial DNA เป็นต้น สำหรับสูตรที่ใช้คำนวณกรณีต่างๆ ไม่ใช่สูตรที่คิดขึ้นใหม่ แต่เป็นสูตรคำนวณจากรายงานวิชาการที่ได้ตีพิมพ์เผยแพร่แล้ว³⁻⁷ โปรแกรมนี้ออกแบบให้คำนวณเปรียบเทียบกับบุคคลอ้างอิงทีละคู่ (duo) จึงเหมาะกับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอแบบจับคู่ในงานนิติเวชศาสตร์ทั่วไป เช่น เปรียบเทียบตัวอย่างตรวจที่เก็บได้จากที่เกิดเหตุเป็นของบุคคลต้องสงสัยหรือไม่ หรือเปรียบเทียบว่าชายผู้ต้องสงสัยเป็นพ่อเด็กหรือไม่ หรือเด็กสองคนเป็นพี่น้องกันหรือไม่ ซึ่งยังไม่ครอบคลุมถึงการตรวจเปรียบเทียบพร้อมกันทั้งครอบครัว คราวละ 3 คน (trio) เช่น การตรวจพิสูจน์พ่อ-แม่-ลูก ในคราวเดียวกัน เป็นต้น

โปรแกรมนี้ถูกพัฒนาขึ้นด้วยโปรแกรม Microsoft Access[®] รุ่น 2003 ซึ่งเป็นโปรแกรมประเภทฐานข้อมูลใน Microsoft Office 2003[®] บน Windows[®] platform รูปลักษณะของโปรแกรมจึงมีลักษณะเหมือนโปรแกรมทั่วไปที่ใช้บนระบบปฏิบัติการ Windows ผู้ใช้จึงทำความเข้าใจได้ง่าย การใช้งานถูกจัดออกเป็นหมวดหมู่ทำให้สะดวกในการเรียกใช้คำสั่งต่างๆ ในการวิเคราะห์ และสามารถพิมพ์รายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอในกรณีต่างๆ ได้ง่าย

โปรแกรม PSU CalPat รุ่นแรกถูกพัฒนาขึ้นเมื่อเดือนเมษายน พ.ศ. 2552 เพื่อนำมาใช้คำนวณค่าทางสถิติกรณีพ่อ-ลูก และ แม่-ลูก เท่านั้น เพื่อทดแทนการคำนวณค่า combined paternity index (CPI) ด้วยมือ หรือใช้โปรแกรมแผ่นตารางทำการ ซึ่งใช้เวลาในการคำนวณค่อนข้างมาก และเสี่ยงที่จะคำนวณผิดพลาด โปรแกรมนี้มีการตรวจสอบความถูกต้องกับโปรแกรม DNA Identification System For Mass

Fatality¹² โดยเปรียบเทียบกรณีพ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก จำนวน 100 ราย พบว่าค่าทางสถิติต่างๆ ที่คำนวณได้เท่ากันทุกประการ จึงมีการนำมาใช้ในงานประจำของหน่วยนิติเวชศาสตร์และพิษวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ ต่อมา มีการพัฒนาเพิ่มเติมให้มีความสามารถตรวจเปรียบเทียบเอกลักษณ์บุคคล และตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือดกรณีอื่นๆ เพิ่มเติม พร้อมทั้งเก็บข้อมูลดีเอ็นเอได้หลากหลายชนิดมากขึ้น ปัจจุบันโปรแกรมนี้เป็นรุ่น 1.2 มีการปรับเปลี่ยนการใช้ฐานข้อมูลความถี่อัลลีลของประชากรไทยมาใช้ของ Shotivaranon และคณะ¹ ซึ่งเป็นฐานข้อมูลที่คำนวณความถี่อัลลีลจากประชากรไทยมากถึง 929 ราย ครอบคลุมประชากรไทยจากทุกภูมิภาค ทำให้ค่าทางสถิติที่คำนวณได้ มีความถูกต้องเหมาะสมกับการใช้งานในประชากรไทยมากยิ่งขึ้น

อย่างไรก็ตาม โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.2 ถูกออกแบบให้คำนวณค่าทางสถิติ โดยประมาณการค่า prior probability เท่ากับ 0.5 ทำให้มีข้อจำกัดที่ใช้คำนวณค่าทางสถิติต่างๆ ได้เฉพาะเหตุการณ์ที่มีผู้เสียชีวิตเพียง 1 ราย หรือมีผู้ถูกกล่าวหาว่ามีความสัมพันธ์ทางสายเลือดด้วยเพียง 1 รายเท่านั้น ข้อจำกัดนี้ทำให้ไม่สามารถนำโปรแกรมนี้มาใช้คำนวณค่าทางสถิติกรณีที่เกิดหายนะหมู่ และมีผู้เสียชีวิตมากกว่า 1 ราย แต่โอกาสในการเกิดหายนะหมู่พบได้ไม่บ่อยนัก ดังนั้นโปรแกรม PSU CalPat จึงน่าจะยังเหมาะสมที่จะใช้งานด้านการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอในสถานการณ์ปกติทั่วไป

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.2 สามารถพิมพ์ใบรายงานผลการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอกรณีต่างๆ โดยการแสดงผลการตรวจดีเอ็นเอที่ตำแหน่งต่างๆ พร้อมค่าทางสถิติที่จำเป็น นอกจากนั้นยังมีการแปลผลการทดสอบขั้นต้นให้ด้วย ทำให้ผู้ใช้มีความสะดวก รวดเร็ว ในการรายงานผลการทดสอบมากยิ่งขึ้น (รูปที่ 2)

ผู้พัฒนาโปรแกรมตั้งใจให้โปรแกรม PSU CalPat เป็นโปรแกรมที่แจกฟรี (free software) และได้มอบลิขสิทธิ์ สิทธิการใช้และเผยแพร่โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.2 นี้ให้แก่เครือข่ายนิติพันธุศาสตร์แห่งประเทศไทย ผู้สนใจสามารถ download โปรแกรมนี้ได้ที่

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

สรุป

โปรแกรม PSU CalPat รุ่น 1.2 เป็นโปรแกรมด้านฐานข้อมูลที่พัฒนาขึ้นเพื่อใช้คำนวณค่าสถิติพื้นฐานทางนิติเวชศาสตร์ ในงานตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอกรณีต่างๆ สามารถเก็บข้อมูลดีเอ็นเอได้หลายระบบ เช่น autosomal STR, Y-STR, X-STR และ mitochondrial DNA โดยคำนวณค่าทางสถิติต่างๆ จากความถี่อัลลีลของประชากรไทย สามารถพิมพ์รายงานพร้อมสถิติที่จำเป็นเป็นภาษาไทย จึงเป็นโปรแกรมแจกฟรีอีกทางเลือกหนึ่งที่เหมาะสมกับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอในประชากรไทย

กิตติกรรมประกาศ

ผู้เขียนขอขอบพระคุณ ศาสตราจารย์นายแพทย์ธานีรัตน์ ภู่พัฒน์ ที่อบรมให้ความรู้ทางสถิติในงานนิติเวชศาสตร์สำหรับการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอ จนผู้เขียนเข้าใจและสามารถพัฒนาความรู้ที่ได้รับมาเป็นโปรแกรมคอมพิวเตอร์ ขอขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์บุษบาฤกษ์อำนาจโชค ที่อนุญาตให้ใช้ความถี่อัลลีลประชากรไทยในโปรแกรมนี้ และขอขอบพระคุณ อาจารย์นายแพทย์นิติกร ไปรีสวาณิชย์ ที่ให้คำปรึกษาเชิงลึกในเรื่องต่างๆ เพื่อแก้ไขโปรแกรมให้มีความสมบูรณ์ยิ่งขึ้น

A ผลการตรวจวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด กรณีพ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก

หน่วยงาน: ภาควิชาพยาธิวิทยา
 ภาควิชาชีววิทยา คณะแพทยศาสตร์
 มหาวิทยาลัยมหิดล ศาลายา จังหวัดนครปฐม โทร 074451571

เลขที่: 53198

บุคคลที่ 1: นาง [redacted] (ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นมารดา):
 เลขที่อ้างอิง: F164A-1 วันรับตัวอย่าง: 19 ตุลาคม 2553 ตัวอย่างส่ง: EDTA Blood

บุคคลที่ 2: นาย [redacted] (ลูก):
 เลขที่อ้างอิง: F164A-2 วันรับตัวอย่าง: 19 ตุลาคม 2553 ตัวอย่างส่ง: EDTA Blood

LocName	F164A-1	F164A-2	Formula	PI
1 D8S1179	10 13	10 13	(P1+P3)/(4P1P3)	2.97
2 D21S11	28 30	30 30	1/(2P1)	2.03
3 D7S28	11 11	10 11	1/(2P1)	1.37
4 CSF1PO	10 12	9 10	1/(4P1)	1.24
5 D8S1388	15 15	15 15	1/(P1)	3.31
6 TH01	7 9	8 9	1/(4P1)	0.70
7 D13S17	8 9	9 9	1/(2P1)	3.21
8 D16S19	11 11	10 11	1/(2P1)	1.60
9 D2S1328	17 24	17 19	1/(4P1)	2.13
10 D19S43	14.2 15	14 14.2	1/(4P1.2)	2.68
11 WA	14 17	17 19	1/(4P1.7)	0.97
12 TPOX	11 11	11 11	1/(P1)	3.76
13 D18S11	12 15	14 15	1/(4P1)	0.98
14 D5S18	11 11	11 13	1/(2P1)	1.64
15 FGA	23 24	23 25	1/(4P2)	1.49
16 AMELGOBN	X,Y	X,Y	ไม่ทราบ	1.00
17 Blood Group	A(A)	B(B)	ไม่ทราบ	1.00

CPI 6.051 Thim 0.00 Probability 99.962504%
 1. นาง [redacted] เป็นผู้คิดผลจากความเป็นมารดาของ [redacted] กับ [redacted]
 2. ความน่าจะเป็นที่ [redacted] เป็นมารดาของ [redacted] เท่ากับ 99.963504%

B ผลการตรวจวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด กรณีพี่น้องร่วมบิดามารดาเดียวกัน (Full sibling)

หน่วยงาน: ภาควิชาพยาธิวิทยา
 ภาควิชาชีววิทยา คณะแพทยศาสตร์
 มหาวิทยาลัยมหิดล ศาลายา จังหวัดนครปฐม โทร 074451571

เลขที่: RN 5333

บุคคลที่ 1: นาย [redacted] (ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นน้อง):
 เลขที่อ้างอิง: RN5333-1 วันรับตัวอย่าง: 30 ตุลาคม 2553 ตัวอย่างส่ง: Buccal cells

บุคคลที่ 2: นาย [redacted] (ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพี่):
 เลขที่อ้างอิง: RN5333-2 วันรับตัวอย่าง: 30 ตุลาคม 2553 ตัวอย่างส่ง: Buccal cells

LocName	RN5333-1	RN5333-2	PI	
1 D8S1179	12 15	13 15	0.95	
2 D21S11	30 31	30 30	1.27	
3 D7S28	10 11	10 11	3.52	
4 CSF1PO	10 12	10 11	0.87	
5 D8S1388	15 17	15 18	0.69	
6 TH01	7 7	7 8	0.98	
7 D13S17	8 12	8 8	1.00	
8 D16S19	9 10	9 12	0.91	
9 D2S138	19 23	19 23	4.65	
10 D19S43	13.2 15	14 15	1.71	
11 WA	14 17	17 18	0.74	
12 TPOX	8 11	8 11	1.87	
13 D18S11	14 14	14 14	10.07	
14 D5S18	11 11	11 13	1.07	
15 FGA	20 25	20 22	2.18	
16 AMELGOBN	X,Y	X,X	ไม่ทราบ	1.00

Liblood rate 588 Thim 0.010 Probability 99.8301725 %
 1. นาย [redacted] เป็นผู้คิดผลจากความเป็นพี่น้องร่วมบิดามารดาเดียวกันกับ [redacted] กับ [redacted]
 2. ความน่าจะเป็นที่ [redacted] เป็นน้องร่วมบิดามารดาเดียวกันกับ [redacted] เท่ากับ 99.8301725% เมื่อคำนวณจากฐานข้อมูลประชากรไทย (FS 2009-HI) (337-638)

C ผลการตรวจวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด กรณีพี่น้อง (Half sibling)

หน่วยงาน: ภาควิชาพยาธิวิทยา
 ภาควิชาชีววิทยา คณะแพทยศาสตร์
 มหาวิทยาลัยมหิดล ศาลายา จังหวัดนครปฐม โทร 074451571

เลขที่: 53219

บุคคลที่ 1: นาย [redacted] (ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นน้อง):
 เลขที่อ้างอิง: F026M-1 วันรับตัวอย่าง: 9 พฤศจิกายน 2553 ตัวอย่างส่ง: EDTA Blood

บุคคลที่ 2: นาย [redacted] (ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพี่):
 เลขที่อ้างอิง: F026M-2 วันรับตัวอย่าง: 9 พฤศจิกายน 2553 ตัวอย่างส่ง: EDTA Blood

LocName	F026M-1	F026M-2	PI	
1 D8S1179	13 14	13 14	1.86	
2 D21S11	30 31	28 32	0.50	
3 D7S28	9 11	11 11	1.18	
4 CSF1PO	11 12	12 12	1.13	
5 D8S1388	15 16	15 17	0.94	
6 TH01	9 9	9 9	1.18	
7 D13S17	11 12	9 12	1.35	
8 D16S19	11 13	9 11	0.91	
9 D2S138	18 25	23 25	2.47	
10 D19S43	15 15.2	14 15	1.96	
11 WA	18 20	19 20	5.03	
12 TPOX	8 8	8 11	0.93	
13 D18S11	17 19	21 22	0.50	
14 D5S18	11 11	10 11	1.48	
15 FGA	22 22	22 23	1.63	
16 AMELGOBN	X,X	X,X	ไม่ทราบ	1.00

Liblood rate 46.65 Thim 0.010 Probability 97.9019125 %
 1. นาย [redacted] เป็นผู้คิดผลจากความเป็นพี่น้องที่มีบิดาหรือมารดาเดียวกันกับ [redacted] กับ [redacted]
 2. ความน่าจะเป็นที่ [redacted] เป็นน้องร่วมบิดาหรือมารดาเดียวกันกับ [redacted] เท่ากับ 97.9019125% เมื่อคำนวณจากฐานข้อมูลประชากรไทย (FS 2009-HI) (337-638)

D ผลการตรวจวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด กรณีญาติร่วมบรรพบุรุษสายแม่

หน่วยงาน: ภาควิชาพยาธิวิทยา
 ภาควิชาชีววิทยา คณะแพทยศาสตร์
 มหาวิทยาลัยมหิดล ศาลายา จังหวัดนครปฐม โทร 074451571

เลขที่: 53219

บุคคลที่ 1: นาย [redacted] (ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นน้อง):
 เลขที่อ้างอิง: F026M-1 วันรับตัวอย่าง: 9 พฤศจิกายน 2553 ตัวอย่างส่ง: Blood

บุคคลที่ 2: นาย [redacted] (ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพี่):
 เลขที่อ้างอิง: F026M-2 วันรับตัวอย่าง: 9 พฤศจิกายน 2553 ตัวอย่างส่ง: Blood

ตำแหน่ง	F026M-1	F026M-2
1	16167T	16167T
2	16223T	16223T
3	16274A	16274A
4	16302G	16302G
5	16320T	16320T
6	16362C	16362C
7	72G	73G
8	94A	94A
9	263G	263G
10	309.1C	309.1C
11	315.1C	315.1C
12	489C	489C

Liblood rate 315 Probability 99.6882446%
 1. นาย [redacted] เป็นผู้คิดผลจากความเป็นญาติร่วมบรรพบุรุษสายแม่กับ [redacted] กับ [redacted]
 2. ความน่าจะเป็นที่ [redacted] เป็นญาติร่วมบรรพบุรุษสายแม่กับ [redacted] เท่ากับ 99.6882446% เมื่อคำนวณจากฐานข้อมูลประชากรอเมริกันเชื้อสายจีน (AF) (FBI 2009) (1-359) และ Y-chromosomal Database (FBI, USA)

E ผลการตรวจวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด กรณีญาติร่วมบรรพบุรุษสายพ่อ

หน่วยงาน: ภาควิชาพยาธิวิทยา
 ภาควิชาชีววิทยา คณะแพทยศาสตร์
 มหาวิทยาลัยมหิดล ศาลายา จังหวัดนครปฐม โทร 074451571

เลขที่: 53194

บุคคลที่ 1: นาย [redacted] (ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นลูกพี่):
 เลขที่อ้างอิง: F008Y-1 วันรับตัวอย่าง: 14 ตุลาคม 2553 ตัวอย่างส่ง: EDTA Blood

บุคคลที่ 2: นาย [redacted] (ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นลูกน้อง):
 เลขที่อ้างอิง: F008Y-2 วันรับตัวอย่าง: 14 ตุลาคม 2553 ตัวอย่างส่ง: EDTA Blood

LocName	F008Y-1	F008Y-2
1 D1S456	15	15
2 D1S2891	13	13
3 D1S990	23	23
4 D1S689B	29	29
5 D1S458	17	17
6 D1S19	15	15
7 D1S656a b	13 21	13 21
8 D1S93	12	12
9 D1S91	10	10
10 D1S439	12	12
11 D1S315	21	21
12 D1S92	13	13
13 GAT4H4	11	11
14 D1S437	15	15
15 D1S438	10	10
16 D1S448	19	19

CPI 3.550 Probability 99.9718335 %
 1. นาย [redacted] เป็นผู้คิดผลจากความเป็นญาติร่วมบรรพบุรุษสายพ่อกับ [redacted] กับ [redacted]
 2. ความน่าจะเป็นที่ [redacted] เป็นญาติร่วมบรรพบุรุษสายพ่อกับ [redacted] เท่ากับ 99.9718335% เมื่อคำนวณจากฐานข้อมูลประชากรอเมริกันเชื้อสายจีน (AF) (FBI 2009) (1-359) และ Y-chromosomal Database (FBI, USA)

F ผลการตรวจวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด กรณีพี่น้อง (เพศหญิง) ร่วมบิดาเดียวกัน หรือ ย่า-หลาน

หน่วยงาน: ภาควิชาพยาธิวิทยา
 ภาควิชาชีววิทยา คณะแพทยศาสตร์
 มหาวิทยาลัยมหิดล ศาลายา จังหวัดนครปฐม โทร 074451571

เลขที่: 53208

บุคคลที่ 1: นาย [redacted] (ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นน้อง):
 เลขที่อ้างอิง: F001X-1 วันรับตัวอย่าง: 26 ตุลาคม 2553 ตัวอย่างส่ง: EDTA Blood

บุคคลที่ 2: นางสาว [redacted] (ผู้ถูกกล่าวหาว่าเป็นพี่):
 เลขที่อ้างอิง: F001X-2 วันรับตัวอย่าง: 26 ตุลาคม 2553 ตัวอย่างส่ง: EDTA Blood

LocName	F001X-1	F001X-2	
1 GATA22D05	10 11	8	คิดอ่าน
2 HRTB	11 13	11	
3 D1S378	10 11	9	คิดอ่าน
4 D1S601	10 11	11	
5 D1S679	10 10	10	
6 D1S610	18 18	18	
7 D1S789	15.3 21	15.3	
8 D1S7423	15 15	13	คิดอ่าน
9 GATA31E08	7 11	12	คิดอ่าน

จำนวนดีเอ็นเอที่ "สวีน" 4 ตำแหน่ง
 1. นาย [redacted] เป็นผู้คิดผลจากความเป็นพี่น้องร่วมบิดาเดียวกันกับ [redacted] กับ [redacted]
 2. ความน่าจะเป็นที่ [redacted] เป็นพี่น้องร่วมบิดาเดียวกันกับ [redacted] เท่ากับ 99.9718335% เมื่อคำนวณจากฐานข้อมูลประชากรอเมริกันเชื้อสายจีน (AF) (FBI 2009) (1-359) และ Y-chromosomal Database (FBI, USA)

รูปที่ 2 ไบรยานผลการตรวจความสัมพันธ์ทางสายเลือด A กรณีพ่อ-ลูก หรือ แม่-ลูก B กรณีพี่น้องร่วมพ่อและแม่เดียวกัน (full sibling) C กรณีพี่น้อง (half sibling) D กรณีญาติร่วมบรรพบุรุษสายแม่เดียวกัน (maternal lineage) โดยการตรวจไมโทคอนเดรีย E กรณีญาติร่วมบรรพบุรุษสายพ่อเดียวกัน (paternal lineage) โดยการตรวจ Y-STR F กรณีพี่น้อง (เพศหญิง) ร่วมบิดาเดียวกัน หรือ ย่า-หลานสาว โดยการตรวจ X-STR

เอกสารอ้างอิง

1. 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 - 8.
2. National Research Council Committee on DNA Forensic Science: an update. The evaluation of forensic DNA evidence. Washington, D.C.: National Academy Press; 1996.
3. Evett IW, Weir BS. Interpreting DNA evidence statistical genetics for forensic scientists. Sunderland: Sinauer Associates; 1998.
4. Buckleton J. Population Genetic Models. In: Buckleton J, Triggs CM, Walsh SJ, editors. *Forensic DNA evidence interpretation*. Washington, D.C.: CRS Press; 2005; p.65 - 122.
5. Balding DJ, Nichols RA. A method for quantifying differentiation between populations at multi-allelic loci and its implications for investigating identity and paternity. *Genetica* 1995; 96: 3 - 12.
6. Gjerston DW, Brenner CH, Baur MP, et al. ISFG: Recommendations on biostatistics in paternity testing. *Forensic Sci Int Genet* 2007; 1: 223 - 31.
7. Ayres KL. Relatedness testing in subdivided populations. *Forensic Sci Int* 2000; 114: 107 - 15.
8. Andrews RM, Kubacka I, Chinnery PF, et al. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nat Genet* 1999; 23: 147.
9. Monson KL, Miller KWP, Wilson MR, et al. The mtDNA Population Database: an integrated software and database for forensic comparison. *Forensic Sci Com* [serial on the Internet]. 2002 Apr [cited 2011 March 8]; 4(2). Available from: <http://www2.fbi.gov/hq/lab/fsc/backissu/april2002/miller1.htm>
10. Butler JM. *Forensic DNA typing: biological, technology, and genetics of STR markers*. 2nd ed. New York: Elsevier Academic Press; 2005; p.271.
11. Willuweit S, Roewer L. Y chromosome haplotype reference database (YHRD): update. *Forensic Sci Int Genetics* 2007; 1: 83-7.
12. DNA identification system for mass fatality [homepage on the Internet]. Chiang Mai: Chiang Mai University [cited 2011 March 8]. Available from: <http://bioinfo.science.cmu.ac.th/forensic/>