บทที่ 5

อภิปรายผลการทดลอง

สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ ห้องสมุดงานวิจัย

จากการวิเคราะห์ค่าความถี่อัลลีลของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 ในกลุ่มประชากรเพศหญิงที่อาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย และเป็นผู้ที่มีบิดาและมารดามีภูมิลำเนาอยู่ในภาคเหนือทั้ง 17 จังหวัด ที่ไม่มีความสัมพันธ์เกี่ยวข้องกันทางสายเลือด ซึ่งในประเทศไทย ยังไม่มีการศึกษาในตำแหน่งนี้ แต่ในยุโรปจะมีการศึกษากันมาก และนำมาใช้ประโยชน์ในทางนิติวิทยาศาสตร์ได้ เช่น การศึกษาของ Edelmann *et al.* (2001) ได้ศึกษาความหลากหลายของ Microsatellite marker DXS101 ในประชากรของประเทศเยอรมนี โดยสกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างเลือดของประชากรจำนวน 546 คน (ผู้หญิง 348 คน และผู้ชาย 216 คน) ที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทางสายเลือดโดยตรง พบว่า DXS101 มีความหลากหลายของจำนวนเบสซ้ำเป็น 3 เบส (Trinucleotide) จำนวน 2 ชนิด คือชนิด CTT และ ATT ซึ่งมีจำนวนทั้งหมด 18 อัลลีล มีความยาวของจำนวนคู่เบสอยู่ในช่วง 179-233 คู่เบส (bp) มีค่าความหลากหลาย (Polymorphism Information Content: PIC) เท่ากับ 0.884 และมีค่ากำลังการแยกแยะ (Power of Discrimination in Females: PD_F) เท่ากับ 0.978 สรุปได้ว่า Microsatellite marker DXS101 มีความหลากหลายสูง จึงสามารถนำมาใช้ประโยชน์ในงานทางด้านนิติวิทยาศาสตร์และใช้ในการตรวจสอบหาความสัมพันธ์ทางเครือญาติ (Kinship testing) ได้ นอกจากนี้ยังมีงานวิจัยของ Coletti *et al.* (2006) ได้ทำการศึกษาการกระจายตัวของอัลลีล STRs บนโครโมโซมเพศหญิงทั้ง 6 ตำแหน่ง ในตัวอย่างประชากรของประเทศอิตาลี โดยทำการเก็บตัวอย่างเลือดจากประชากรของ Umbrian จำนวน 100 คน (50 คน มาจาก Perugia และ 50 คน มาจาก Terni) ที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทางสายเลือดโดยตรง ทำการสกัดดีเอ็นเอโดยใช้ QIAmpDNAMiniKits (Qiagen) จากนั้นทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมโดยใช้เทคนิค PCR วิเคราะห์ผลดีเอ็นเอโดยใช้ Cell lines 9947A (Applied Biosystems, USA) และ K562 (Promega, USA) พบว่าตำแหน่ง DXS101 มีจำนวน 16 Alleles เมื่อคำนวณค่าทางสถิติโดยใช้ Software powerstats v 2.1 มีค่ากำลังการแยกแยะ (PD) เท่ากับ 0.960 และค่ากำลังการคัดออก (PE) เท่ากับ 0.745 สามารถนำไปใช้ในการตรวจพิสูจน์ความเป็นเอกลักษณ์บุคคลได้

สำหรับเอเซียก็มีการศึกษากันมากขึ้น เช่น การศึกษาของ Chen and Pu (2004) ได้ทำการศึกษาข้อมูลของโครโมโซมเพศหญิงในตำแหน่ง DXS10011, DXS101, DXS6789, DXS7132, DXS8377 และ DXS9895 ในประชากรชาวไต้หวัน โดยทำการสกัดดีเอ็นเอจากเลือดจำนวน 448 คน (ผู้หญิง 135 คน และผู้ชาย 313 คน) สำหรับศึกษาในตำแหน่ง DXS101 จากนั้นนำมาทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยเทคนิค PCR เมื่อทำการเปรียบเทียบจากค่าที่คำนวณได้ทางสถิติ พบว่า ตำแหน่ง DXS101 มีค่า Heterozygosity เท่ากับ 0.830 มีค่าการแยกแยะ (PD) เท่ากับ 0.932 และค่าโอกาสคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออก (Chance of Exclusion) เท่ากับ 0.594 ซึ่งถือว่าเป็นค่าที่สามารถนำมาใช้ในการแยกแยะความเป็นเอกลักษณ์บุคคลและสามารถคัดที่ไม่ใช่พ่อออกได้นำมาใช้ประโยชน์ในงานทางด้านนิติวิทยาศาสตร์ได้ นอกจากนี้ยังมีการศึกษาของ Wu *et al.* (2009) ที่ศึกษาความถี่ของอัลลีลของ X-STRs จำนวน 7 ตำแหน่ง ในประชากรชาวฮั่น (Han) ที่อาศัยอยู่ในจังหวัด Zhejiang ในประเทศจีน โดยทำการสกัดตัวอย่างจากเลือดจำนวน 696 คน (ผู้หญิง 383 คน และผู้ชาย 313 คน) โดยใช้ Chelex-100 ในการสกัดดีเอ็นเอ จากนั้นนำมาทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยเทคนิค PCR ตรวจสอบ PCR product โดยใช้ Capillary electrophoresis ABI PRSM 3100 genetic analyzer พบว่า ตำแหน่ง DXS101 มีค่าความหลากหลาย (Gene diversity) เท่ากับ 0.8135 มีค่ากำลังการแยกแยะในผู้หญิง (PD_F) และค่ากำลังการแยกแยะในผู้ชาย (PD_M) เท่ากับ 0.9409 และ 0.8127 ตามลำดับ และมีค่ากำลังการคัดออกในกรณี MEC (trio) และ MEC (duos) เท่ากับ 0.7887 และ 0.6689 ตามลำดับ จะเห็นได้ว่าค่าความหลากหลาย ค่ากำลังการแยกแยะ และค่ากำลังการคัดออก ของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ตำแหน่ง DXS101 มีค่าที่สูงมาก จึงมีประสิทธิภาพในการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลและการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดได้ ดังนั้นผู้วิจัยจึงต้องการศึกษาค่าความถี่ของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 เพื่อนำมาใช้ในการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลและตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดในประชากรที่อาศัยอยู่ทางภาคเหนือของประเทศไทย และนำข้อมูลที่ได้ไปเปรียบเทียบกับคนเอเซียด้วยกัน ที่มีความใกล้เคียงกันทางเชื้อชาติกับประเทศไทยมากที่สุด

จากการวิเคราะห์หาความถี่อัลลีลของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 ในกลุ่มประชากรเพศหญิงที่อาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย ที่ไม่มีความสัมพันธ์เกี่ยวข้องกันทางสายเลือด จำนวน 137 คน โดยทำการเก็บตัวอย่างจากเซลล์เยื่อบุกระพุ้งแก้ม มาทำการสกัดดีเอ็นเอ โดยใช้ Chelex จากนั้นทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยเทคนิค PCR แล้วตรวจสอบขนาด PCR product ที่ได้ด้วยวิธี Polyacrylamide gel electrophoresis พบว่า ตำแหน่ง DXS101 มีจำนวน อัลลีล 11 อัลลีล โดยเริ่มจากอัลลีลที่ 19, อัลลีล 21 ถึง อัลลีล 30 และพบว่าอัลลีลที่ 25 มีความถี่สูงสุดคือเท่ากับ 0.2883 อัลลีล 19 และอัลลีล 30 มีความถี่น้อยที่สุดคือเท่ากับ 0.0110 จากการ

หาลำดับเบสด้วยเครื่องอัตโนมัติ พบว่าตำแหน่ง DXS101 มีจำนวนชุดเบสซ้ำ (Short Tandem Repeat) เป็น 3 เบส (Trinucleotide) จำนวน 2 ชนิดคือ ชนิด CTT และ ATT เมื่อทำการเปรียบเทียบกับคนเอเชียด้วยกันเองจำนวน 3 กลุ่ม โดยกลุ่มที่ 1 เป็นการศึกษาในประชากรไต้หวัน (Chen and Pu, 2004) โดยทำการสกัดดีเอ็นเอจากตัอย่างเลือดผู้หญิงจำนวน 135 ซึ่งมีจำนวนใกล้เคียงกับการศึกษาในประชากรของคนไทยภาคเหนือครั้งนี้ พบว่าตำแหน่ง DXS101 มีจำนวนอัลลีล 14 อัลลีล โดยเริ่มจากอัลลีลที่ 18, อัลลีล 19, อัลลีล 21 ถึง อัลลีล 32 และพบว่าอัลลีลที่ 24 มีค่าความถี่สูงที่สุดเท่ากับ 0.341 อัลลีล 18 และ อัลลีล 32 มีความถี่น้อยที่สุดเท่ากับ 0.002 ในกลุ่มที่ 2 เป็นการศึกษาในประชากรชาวฮั่นที่อยู่ภาคเหนือของประเทศจีน (Yu *et al.*, 2005) โดยทำการสกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างเลือดผู้หญิงจำนวน 110 คน พบว่าตำแหน่ง DXS101 มีจำนวนอัลลีล 10 อัลลีล โดยเริ่มจากอัลลีลที่ 17, อัลลีล 20 ถึง อัลลีล 28 และพบว่าอัลลีลที่ 23 มีความถี่สูงที่สุดเท่ากับ 0.3548 และอัลลีลที่ 20, 27 และ 28 มีความถี่น้อยที่สุดเท่ากับ 0.0206 และในกลุ่มที่ 3 เป็นการศึกษาในประชากรเผ่านูที่อาศัยอยู่ในมณฑณยูนาน ประเทศจีน (Gao *et al.*, 2007) โดยทำการสกัดดีเอ็นเอจากตัวอย่างเลือดผู้หญิงจำนวน 49 คน พบว่าตำแหน่ง DXS101 มีจำนวน 5 อัลลีล โดยเริ่มจากอัลลีลที่ 23 ถึง อัลลีล 28 และพบว่าอัลลีล 25 มีความถี่สูงที่สุดเท่ากับ 0.378 ซึ่งตรงกับการศึกษาครั้งนี้ในประชากรภาคเหนือของประเทศไทยแสดงให้เห็นความใกล้ชิดของกลุ่มประชากรทั้งสอง ซึ่งจากประวัติ ศาสนาพุทธ ความเชื่อว่าไทยอพยพมากจากมณฑลยูนาน ส่วนอัลลีล 28 มีความถี่น้อยที่สุดเท่ากับ 0.039 ซึ่งจะแตกต่างกับการศึกษาของเราที่พบว่าอัลลีล 19 และอัลลีล 30 มีความถี่น้อยที่สุด จากข้อมูลจะเห็นได้ว่าค่าความถี่ของแต่ละอัลลีลที่พบในคนเอเชียด้วยกันแต่อยู่คนละภูมิภาคพบว่ามีค่าแตกต่างกันทั้งจำนวนอัลลีลที่พบและค่าความถี่ของแต่ละอัลลีล จึงเป็นที่น่าสนใจว่า ประชากรในแต่ละภูมิภาคของประเทศไทยก็น่าจะมีความแตกต่างกันทั้งจำนวนอัลลีลที่พบและค่าความถี่ของแต่ละอัลลีล จึงควรมีการศึกษาในรายละเอียดต่อไปในประชากรแต่ละภูมิภาค ส่วนค่าความถี่ของแต่ละอัลลีลที่ตรวจพบในประชากรที่อาศัยอยู่ในเขตภาคเหนือของประเทศไทย สามารถนำไปประยุกต์ใช้ประโยชน์ได้อย่างมากในแง่ของการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลและการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด

ในการแปลผลการพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลและตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดนั้นจำเป็นอย่างยิ่งที่ต้องทราบประสิทธิภาพของการตรวจโดยทั่วไปแล้วประสิทธิภาพของการตรวจดีเอ็นเอจะดูได้จากค่ากำลังการแยกแยะ (Power of Discrimination: PD) และค่ากำลังการคัดออก (Power of Exclusion: PE) เมื่อคำนวณค่ากำลังการแยกแยะในผู้หญิง (Power of Discrimination in Females: PD_F) และคำนวณอ่ากำลังการแยกแยะในผู้ชาย (Power of Discrimination in Males: PD_M) จากข้อมูลความถี่อัลลีลของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.9491 และ 0.8259

ตามลำดับ โดยค่านี้บอกถึงโอกาสที่เมื่อเลือกคนสองคนอย่างสุ่มแล้วจะได้ลักษณะทางพันธุกรรมของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 ไม่เหมือนกันในผู้หญิงและในผู้ชายเท่ากับ 94.91% และ 82.59% ตามลำดับ หรือจะกล่าวอีกทางหนึ่งว่าโอกาสที่จะพบว่าคนสองคนจะมีลักษณะพันธุกรรมของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 เหมือนกันในผู้หญิงเท่ากับ 5.09% และในผู้ชายเท่ากับ 17.41% ซึ่งมีค่าใกล้เคียงกับงานวิจัยของ Shin *et al.* (2005) ที่ได้ทำการศึกษาวิเคราะห์ X-linked STRs จำนวน 18 ตำแหน่ง ในประชากรเกาหลีที่ไม่มีความสัมพันธ์กันทางสายเลือดกันโดยตรง จำนวน 401 คน (ผู้หญิง 181 คน และผู้ชาย 220 คน) โดยสกัดดีเอ็นเอจากเลือดหรือเยื่อบุกระพุ้งแก้ม พบว่าตำแหน่ง DXS101 มีค่า กำลังการแยกแยะในผู้หญิง (PD_F) เท่ากับ 0.940 ค่า กำลังการแยกแยะในผู้ชาย (PD_M) เท่ากับ 0.818 และใกล้เคียงกับงานวิจัยของ Wu *et al.* (2009) ที่ศึกษาความถี่ของอัลลีลของ X-STRs จำนวน 7 ตำแหน่ง ในประชากรชาวฮั่น (Han) ที่อาศัยอยู่ในจังหวัด Zhejiang ในประเทศจีน โดยทำการสกัดตัวอย่างจากเลือดจำนวน 696 คน (ผู้หญิง 383 คน และผู้ชาย 313 คน) พบว่า ตำแหน่ง DXS101 มีค่ากำลังการแยกแยะในผู้หญิง (PD_F) และค่ากำลังการแยกแยะในผู้ชาย (PD_M) เท่ากับ 0.9409 และ 0.8127 ตามลำดับ จากนั้นคำนวณค่ากำลังการคัดออก สำหรับ PE (trio) (กรณีที่เด็กหญิงมากับมารดาแท้ ๆ แล้วกล่าวหาว่าชายผู้ถูกกล่าวหาเป็นบิดาของตน) มีค่าเท่ากับ 0.8053 ซึ่งมีความหมายว่าโอกาสที่จะคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออกมีค่าเท่ากับ 80.53% และ PE (motherless) (กรณีที่เด็กหญิงมากล่าวหาว่าชายผู้ถูกกล่าวหาเป็นบิดาของตน และไม่มีมารดามาตรวจด้วย) มีค่าเท่ากับ 0.6908 ซึ่งมีความหมายว่าโอกาสที่จะคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออกมีค่าเท่ากับ 69.08% จะเห็นได้ว่าโอกาสที่เด็กหญิงมาตรวจพร้อมมารดาแท้ ๆ (PE trio) จะมีค่ามากกว่าในกรณีที่เด็กหญิงกล่าวหาว่าชายผู้ที่ถูกกล่าวหาเป็นบิดาของตนโดยที่ไม่มีมารดามาตรวจด้วย (PE motherless) เนื่องจากในกรณีที่มีมารดาแท้ ๆ มาตรวจด้วย สามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลไหนที่ถ่ายทอดมาจากมารดาแท้ ๆ และโอกาสที่จะได้รับอัลลีลอีกอันจากชายผู้ที่ถูกกล่าวหาแล้วทำให้เด็กหญิงมีลักษณะดีเอ็นเอที่สัมพันธ์กัน ทำให้ค่าโอกาสการคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออกมีค่าสูงกว่าในกรณีที่ไม่มีมารดาแท้ ๆ มาตรวจด้วย เมื่อเทียบค่ากำลังการคัดออก (PE) ของโครโมโซมร่างกาย (Autosome) กับค่ากำลังการคัดออก (PE) ของโครโมโซมเพศหญิง (X-chromosome) สำหรับผู้ชายจะเห็นได้ว่า ค่ากำลังการคัดออกในกรณีของออโตโซม (Autosome) จะมีค่าน้อยกว่าค่ากำลังการคัดออก ของโครโมโซมเพศหญิง (X-chromosome) เนื่องจากใน Autosome ของผู้ชายจะมีอัลลีล 2 อัลลีล ที่ได้รับมาจากแม่และพ่อคนละครึ่ง ถ้าอัลลีลหนึ่งไม่ตรงกัน อาจมีอีกหนึ่งอัลลีลที่ตรงกันได้ ทำให้ค่ากำลังการคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออกมีค่าน้อยกว่า ส่วนในกรณีของค่ากำลังการคัดออกของ X-chromosome พบว่า X-chromosome 1 แท่ง จากพ่อจะถ่ายทอดไปยังลูกสาวทุกคน ดังนั้นเมื่อทำการตรวจเปรียบเทียบลักษณะของดีเอ็นเอของเด็กหญิงกับลักษณะดีเอ็นเอของพ่อโดยคำกล่าวหา

ถ้าลักษณะดีเอ็นเอในเด็กหญิงและพ่อโดยคำกล่าวหาไม่ตรงกัน ก็สามารถคัดพ่อโดยคำกล่าวหาออกไปได้เลย จึงทำให้ค่ากำลังการคัดออกใน X-chromosome มีค่าสูงกว่าใน Autosome ดังนั้น จะเห็นได้ว่าการตรวจพิสูจน์ดีเอ็นเอโดยใช้ค่าความถี่อัลลีลของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 มีประสิทธิภาพในการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลและการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดได้เป็นอย่างดี

นอกจากนี้เมื่อหาค่า Heterozygosity ($H_{observed}$) ที่ได้จากการสังเกต พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.8248 หรือ 82.48% ซึ่งมีค่าใกล้เคียงหรืออยู่ในช่วง (Range) กับค่า Heterozygosity ($H_{expected}$) ที่ได้จากการคาดหวังที่คำนวณตามสูตรของ Bhoopat (1996) แล้วได้ค่าเท่ากับ 0.8289 ± 0.0322 หรือ 82.89 ± 3.22% ค่า Heterozygosity จะเป็นค่าที่บ่งชี้ว่าในประชากร 100 คน จะมีลักษณะของอัลลีลที่เป็นเฮเทอโรไซโกตจำนวนเท่าไหร่ ยิ่งค่า Heterozygosity มีค่าสูงก็แสดงว่ามีความหลากหลายของลักษณะทางพันธุกรรมสูง จากค่า Heterozygosity ($H_{observed}$) ที่ได้จากการสังเกต มีค่าใกล้เคียงหรืออยู่ในช่วงของค่า Heterozygosity ($H_{expected}$) ที่ได้จากการคาดหวัง แสดงให้เห็นว่าวิธีการหรือเทคนิคที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอและการเลือกสุ่มตัวอย่างเป็นไปอย่างถูกต้องและเหมาะสม ถ้าหากการสุ่มตัวอย่างไม่เป็นไปอย่างถูกต้องและเหมาะสม เช่นในทำการเก็บตัวอย่างเซลล์เยื่อบุกระพุ้งแก้มจากเพศหญิงที่เป็นพี่สาว-น้องสาวกัน ในกรณีที่พี่สาวน้องสาวมีลักษณะดีเอ็นเอในตำแหน่ง DXS 101 เป็นแบบโฮโมไซโกต จะทำให้ค่า Heterozygosity ($H_{observed}$) ที่ได้จากการสังเกตมีค่าน้อยลง และค่า Homozygosity ก็จะเพิ่มสูงขึ้น ดังนั้นค่า Heterozygosity ($H_{observed}$) ที่ได้จากการสังเกต และค่า Heterozygosity ($H_{expected}$) ที่ได้จากการคาดหวังจะเป็นค่าที่บอกว่าการเลือกสุ่มตัวอย่างในงานวิจัยครั้งนี้เป็นไปด้วยความถูกต้องเหมาะสมหรือไม่ และเมื่อทดสอบการกระจายตัวของลักษณะทางพันธุกรรมต่าง ๆ ว่าเป็นไปตามกฎความสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg Equilibrium) หรือไม่ โดยใช้การวิเคราะห์ทางสถิติ Chi-square test (ดาวรุ่ง, 2546) พบว่าจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่ได้จากการสังเกต ($n_{observed}$) และจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่คาดหวัง ($n_{expected}$) ไม่มีความแตกต่างกัน หรือกล่าวได้ว่าจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่สังเกตมีการกระจายตัวเป็นไปตามกฎความสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg Equilibrium) ($p=0.982$) จากค่า $p=0.982$ จะเห็นว่ามีค่าเข้าใกล้ 1 มาก แสดงให้เห็นถึงการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมที่เป็นไปตามกฎสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก จึงเชื่อได้ว่าวิธีการหรือเทคนิคที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอ และการเลือกกลุ่มตัวอย่างในการวิจัยนี้เป็นไปอย่างถูกต้องและเหมาะสม ดังนั้นจึงสามารถใช้เทคนิคนี้ในการตรวจวิเคราะห์ความถี่อัลลีลของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

ผลจากการทำ Linkage equilibrium โดยการใช้สถิติ Chi-square test (X^2) ในการคำนวณโดยการเปรียบเทียบลักษณะทางพันธุกรรม (Genotype) จากตัวอย่างดีเอ็นเอ จำนวน 83 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับตำแหน่ง DXS7130 และตำแหน่ง DXS7132 ที่มีการศึกษาแล้วก่อนหน้านี้ใน

สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ ห้องสมุดงานวิจัย

ประชากรเพศหญิงที่อาศัยอยู่ในเขตภาคเหนือของประเทศไทย พบว่าตำแหน่ง DXS101 มีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมเป็นอิสระต่อกันกับตำแหน่ง DXS7132 (p=0.376) และตำแหน่ง DXS7130 (p=0.242) ดังนั้นจึงสามารถนำมาใช้ร่วมกันในการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคล และตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือด โดยใช้วิธีคำนวณตามแบบกฎของการคูณ เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพและความเชื่อมั่นในการตรวจได้มากยิ่งขึ้น ดังแสดงในตาราง 19

ตาราง 19 แสดงผลรวมของค่ากำลังการแยกแยะ (Power of Discrimination) และผลรวมของค่ากำลังการคัดออก (Power of Exclusion)

Parameter	DXS101	DXS7130	DXS7132	Combined
Power of discrimination in female	0.9491	0.9278	0.9411	**0.99978**
Power of discrimination in male	0.8259	0.7899	0.7999	**0.99268**
Power of exclusion in trio	0.8053	0.7618	0.7811	**0.98985**
Power of exclusion in motherless	0.6908	0.6351	0.6621	**0.96187**

จากตาราง 19 พบว่า ค่า PD_F ของตำแหน่ง DXS101 มีค่าเท่ากับ 0.9491 หมายความว่าโอกาสที่จะตรวจเจอลักษณะของดีเอ็นเอตรงกันโดยบังเอิญในผู้หญิง ในตำแหน่ง DXS101 มีโอกาสเจอ 509 คน ใน 10,000 คน ค่า PD_M ของตำแหน่ง DXS101 มีค่าเท่ากับ 0.8259 หมายความว่าโอกาสที่จะตรวจเจอลักษณะของดีเอ็นเอตรงกันโดยบังเอิญในผู้ชาย ในตำแหน่ง DXS101 มีโอกาสเจอ 1741 คน ใน 10,000 คน เมื่อนำมาใช้ตรวจร่วมกับตำแหน่ง DXS7130 และตำแหน่ง DXS7132 พบว่าค่า PD_F combined ของทั้ง 3 ตำแหน่ง มีค่าเท่ากับ 0.99978 หมายความว่า โอกาสที่ตรวจเจอคนที่มีดีเอ็นเอตรงกันโดยบังเอิญในผู้หญิง ทั้ง 3 ตำแหน่ง มีโอกาสเจอ 22 คน ใน 100,000 คน และ PD_M combined ของทั้ง 3 ตำแหน่ง มีค่าเท่ากับ 0.99268 หมายความว่า โอกาสที่ตรวจเจอคนที่มีดีเอ็นเอตรงกันโดยบังเอิญในผู้ชาย ทั้ง 3 ตำแหน่ง มีโอกาสเจอ 732 คน ใน 100,000 คน จะเห็นได้ว่าเมื่อใช้ตรวจร่วมกับตำแหน่ง DXS7130 และตำแหน่ง DXS7132 จะเป็นการช่วยลดโอกาสที่จะตรวจเจอดีเอ็นเอตรงกันโดยบังเอิญได้ จะเป็นการเพิ่มประสิทธิภาพและความเชื่อมั่นในการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลได้มากยิ่งขึ้น เมื่อพิจารณาจากค่ากำลังการคัดออก PE trio ของตำแหน่ง DXS101 พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.8053 หมายความว่าโอกาสที่จะคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออกมีค่าเท่ากับ 80.53% หรือ สามารถคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออกจำนวน 8,053 คน ใน 10,000 คน ในกรณีที่เด็กหญิงมากับมารดาแท้ ๆ และค่า PE motherless ของตำแหน่ง DXS101 พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.6908 หมายความว่าโอกาสที่จะคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออกมีค่าเท่ากับ 69.08% หรือ สามารถคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออก จำนวน 6,908 คน ใน 10,000 คน ในกรณีที่เด็กหญิงไม่มีมารดามาตรวจด้วย เมื่อนำมาใช้ตรวจร่วมกับ

ตำแหน่ง DXS7130 และตำแหน่ง DXS7132 พบว่าค่า PE trio combined ของทั้ง 3 ตำแหน่ง มีค่าเท่ากับ 0.98985 ซึ่งหมายความว่าโอกาสที่จะคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออก มีค่าเท่ากับ 98.985% หรือสามารถคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออกจำนวน 98,985 คน ใน 100,000 คน และค่า PE motherless combined ของทั้ง 3 ตำแหน่ง มีค่าเท่ากับ 0.96187 ซึ่งหมายความว่าโอกาสที่จะคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออกมีค่าเท่ากับ 96.187% หรือ สามารถคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออก จำนวน 96,187 คน ใน 100,000 คน จะเห็นได้ว่าเมื่อนำมาใช้ตรวจร่วมกับตำแหน่ง DXS7130 และตำแหน่ง DXS7132 จะเป็นการช่วยเพิ่มโอกาสในการคัดคนที่ไม่ใช่พ่อออกได้ และช่วยเพิ่มประสิทธิภาพและความเชื่อมั่นในการตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดได้มากยิ่งขึ้น จึงเป็นที่น่าสนใจในการศึกษาค้นคว้าต่อไปในอนาคตในตำแหน่งอื่น ๆ บนโครโมโซมเพศหญิง เพื่อจะได้นำมาใช้ตรวจร่วมกันเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพและความเชื่อมั่นในการตรวจพิสูจน์เอกลักษณ์บุคคลและตรวจพิสูจน์ความสัมพันธ์ทางสายเลือดในงานทางด้านนิติวิทยาศาสตร์ได้

ในการแปลผลการตรวจพิสูจน์ จำเป็นต้องใช้สูตรในการคำนวณตามลักษณะความสัมพันธ์ของผู้ที่มาตรวจ เช่น การคำนวณในลักษณะการถ่ายทอดแบบ Single allele ซึ่งลักษณะนี้ใช้ในการตรวจกรณี พ่อกับลูกสาว โดยที่พ่อจะถ่ายทอดโครโมโซมเพศหญิง (X-chromosome) ที่มีเพียงตัวเดียวไปให้ลูกสาวทุกคน ส่วนโครโมโซมเพศหญิงอีกตัวจะได้รับการถ่ายทอดมาจากแม่ ในกรณีนี้จะใช้การคำนวณค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นเช่นเดียวกับการตรวจพิสูจน์ในกรณีการใช้โครโมโซมปกติ (Autosome chromosome) และในกรณีแม่กับลูกชาย ซึ่งลูกชายจะได้รับการถ่ายทอดโครโมโซมเพศหญิง (X-chromosome) มาจากแม่ ส่วนโครโมโซมเพศชาย (Y-chromosome) จะได้มาจากพ่อ ในกรณีที่ผู้รับการตรวจแสดงความสัมพันธ์ของลักษณะดีเอ็นเอ (คัดไม่ออก) สามารถคำนวณค่าสัดส่วนความน่าจะเป็น (Likelihood Ratio: LR) ในกรณีต่าง ๆ ได้จากสูตรตามตารางที่ 20

ตาราง 20 แสดงสูตรการคำนวณค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นในการตรวจความสัมพันธ์แบบ Single allele

ลักษณะความสัมพันธ์	ลักษณะของดีเอ็นเอที่ปรากฏ	สูตรการคำนวณค่าสัดส่วนความน่าจะเป็น
พ่อ-ลูกสาว	กรณีลูกสาวมี Phenotype เป็น Heterozygous	$1/2f_A$
	กรณีลูกสาวมี Phenotype เป็น Homozygous	$1/f_A$
แม่-ลูกชาย	กรณีแม่มี Phenotype เป็น Heterozygous	$1/2\ f_A$
	กรณีแม่มี Phenotype เป็น Homozygous	$1/f_A$

โดยที่ f_A คือ ค่าความถี่ของอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ

นอกจากนี้ยังมีการตรวจพิสูจน์โครโมโซมเพศหญิงที่มีประโยชน์จำเพาะกับการพิสูจน์ Female sibling ที่มีความซับซ้อน เช่น การหาความสัมพันธ์ระหว่างย่าและหลานสาวโดยที่บิดาไม่สามารถมาร่วมการตรวจได้ นั่นคือ ย่าจะถ่ายทอดโครโมโซมเพศหญิง (X-chromosome) ไปยังรุ่นพ่อ และพ่อจะถ่ายทอดโครโมโซมเพศหญิงไปยังลูกสาวทุกคน รวมทั้งกรณีการหาความสัมพันธ์ระหว่างพี่น้องผู้หญิงร่วมบิดา เมื่อบิดาไม่สามารถมาร่วมการตรวจได้ นั่นคือ พ่อจะถ่ายทอดโครโมโซมเพศหญิงไปยังลูกสาวทุกคน ทำให้พี่น้องผู้หญิงทุกคนมีโครโมโซมเพศหญิงตัวหนึ่งที่เหมือนกัน ซึ่งกรณีเหล่านี้เป็นลักษณะการถ่ายทอดแบบ Female sibling เช่นกัน ในกรณีที่ผู้รับการตรวจแสดงความสัมพันธ์ของลักษณะดีเอ็นเอ (คัดไม่ออก) สามารถคำนวณค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นในกรณีต่าง ๆ ได้จากสูตรตามตารางที่ 21

ตาราง 21 แสดงสูตรการคำนวณค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นในการตรวจความสัมพันธ์แบบ Female sibling

ลักษณะความสัมพันธ์	ลักษณะของดีเอ็นเอที่ปรากฏ	สูตรการคำนวณค่าสัดส่วนความน่าจะเป็น
แม่-ลูกสาว ย่า-หลานสาว พี่น้องผู้หญิงร่วมบิดา	คนทั้งคู่มี Genotype เป็น Heterozygous โดยมีลักษณะ Phenotype ที่ต่างกัน	$1/4f_A$
	คนทั้งคู่มี Genotype เป็น Heterozygous โดยมีลักษณะ Phenotype ที่เหมือนกัน	$f_A+f_B/4(f_Af_B)$
	คนทั้งคู่มี Genotype เป็น Homozygous	$1/f_A$
	คนหนึ่งมี Genotype เป็น Homozygous และอีกคนหนึ่งมี Genotype เป็น Heterozygous	$1/2f_A$

โดยที่ f_A และ f_B คือ ค่าความถี่ของอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ

หมายเหตุ วิธีคำนวณค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นในตาราง 20 และตาราง 21 อยู่ในภาคผนวก ข