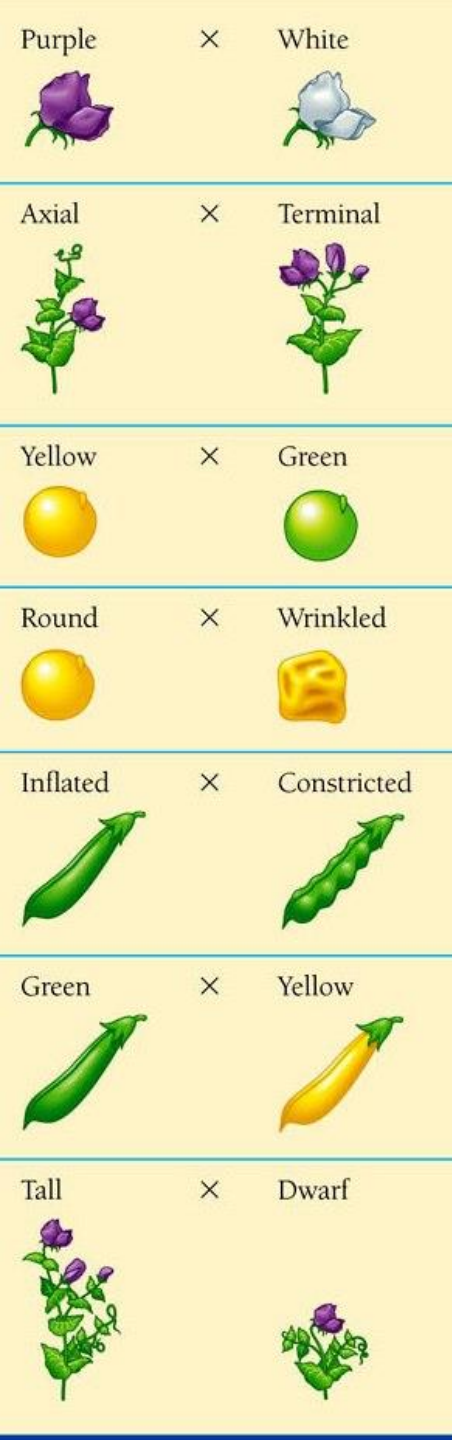
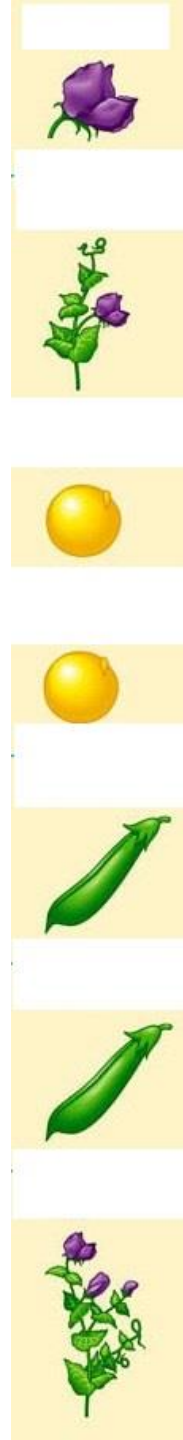


ลักษณะเชิงปริมาณ

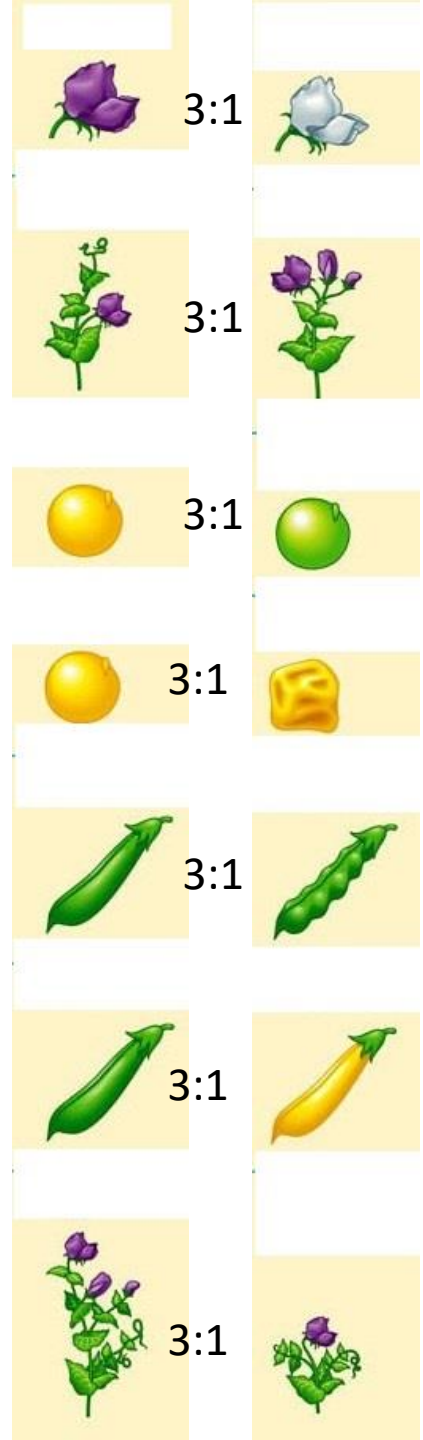
Quantitative trait



→ F1



→ F2



# การแสดงออกของยีน

- Dominance ยีนเด่น แสดงลักษณะข่ม
- Recessive ยีนด้อย

# ลักษณะเหล่านี้เป็นลักษณะเชิงคุณภาพ (Qualitative trait)

- ควบคุมด้วยยีนน้อยคู่ ในการทดลองของ Mendel ลักษณะเหล่านี้ควบคุมด้วยยีนเพียงคู่เดียว
- Phenotype ที่แสดงออกเด่นชัดแบ่งกลุ่มได้ชัดเจน
- สภาพแวดล้อมมีผลน้อยหรือไม่มีผลเลยต่อ phenotype

แต่ในธรรมชาติโดยแท้จริง มีการ  
แสดงออกของยีน (Gene action)  
หลายรูปแบบ

# Gene action

- Recessive
- Dominance
  - Complete dominance
  - Incomplete dominance
  - Over dominance
- Additive

# ยกตัวอย่างสมมติ

กำหนดให้ความสูงของต้นถูกควบคุมด้วยยีน 1  
ตำแหน่ง ยีนควบคุมความสูงมี 2 allele

- Allele “A” ควบคุมลักษณะต้นสูง
- Allele “a” ควบคุมลักษณะต้นเตี้ย



ต้นเตี้ย

ต้นสูง

ค่าเฉลี่ย  
ของพ่อแม่

aa

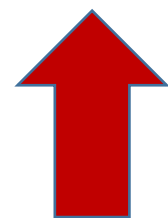
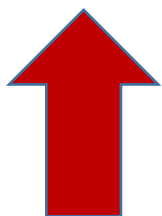
AA



10 ซม.

15 ซม.

20 ซม.





aa



10 ซม.

ต้นเตี้ย

เฉลี่ย

15



AA

20 ซม.

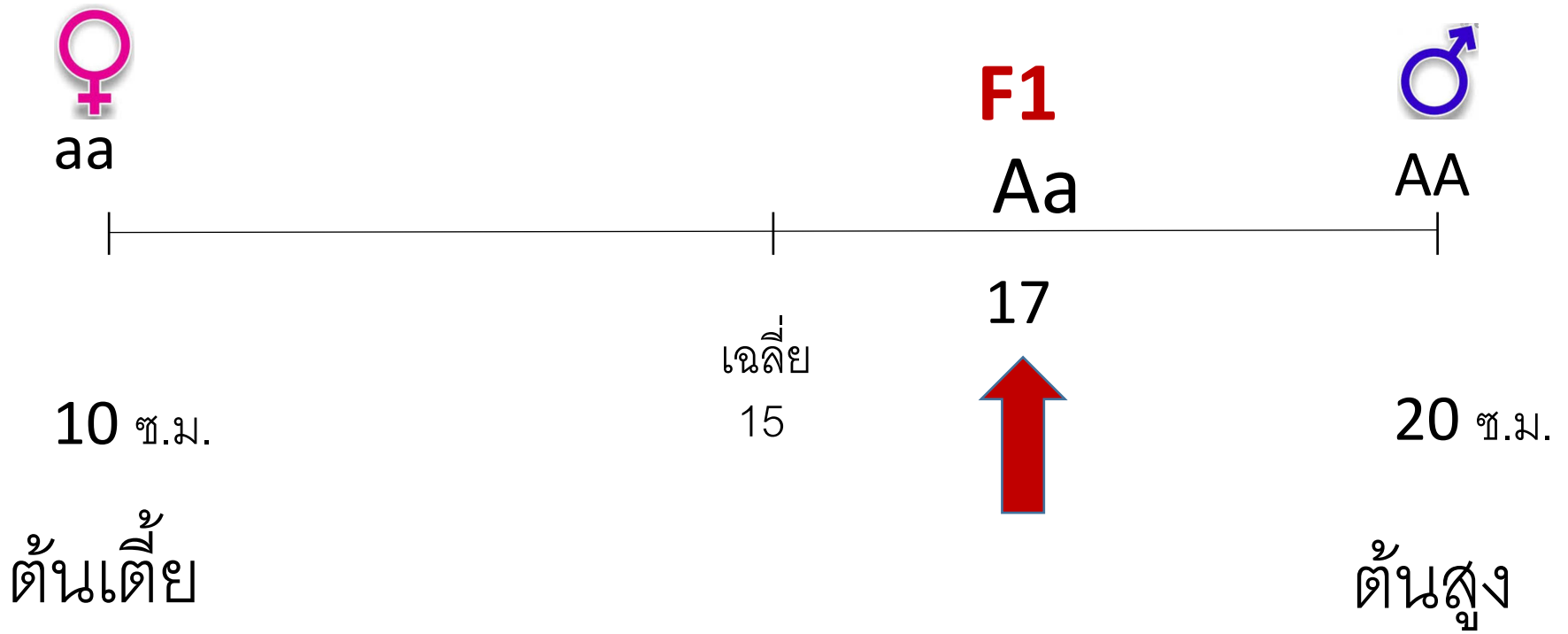
ต้นสูง

**F1**

Aa

वंมสมบूरณ

Complete dominance



ข้ามไม่สมบูรณ์

incomplete dominance



aa

10 ซม.

ต้นเตี้ย

**F1**

Aa

เฉลี่ย

15 ซม.



AA

20 ซม.

ต้นสูง

ยีนแสดงผลแบบบวก

Additive



aa

10 ซม.

ต้นเตี้ย



AA

20 ซม.

ต้นสูง

F1

Aa

22

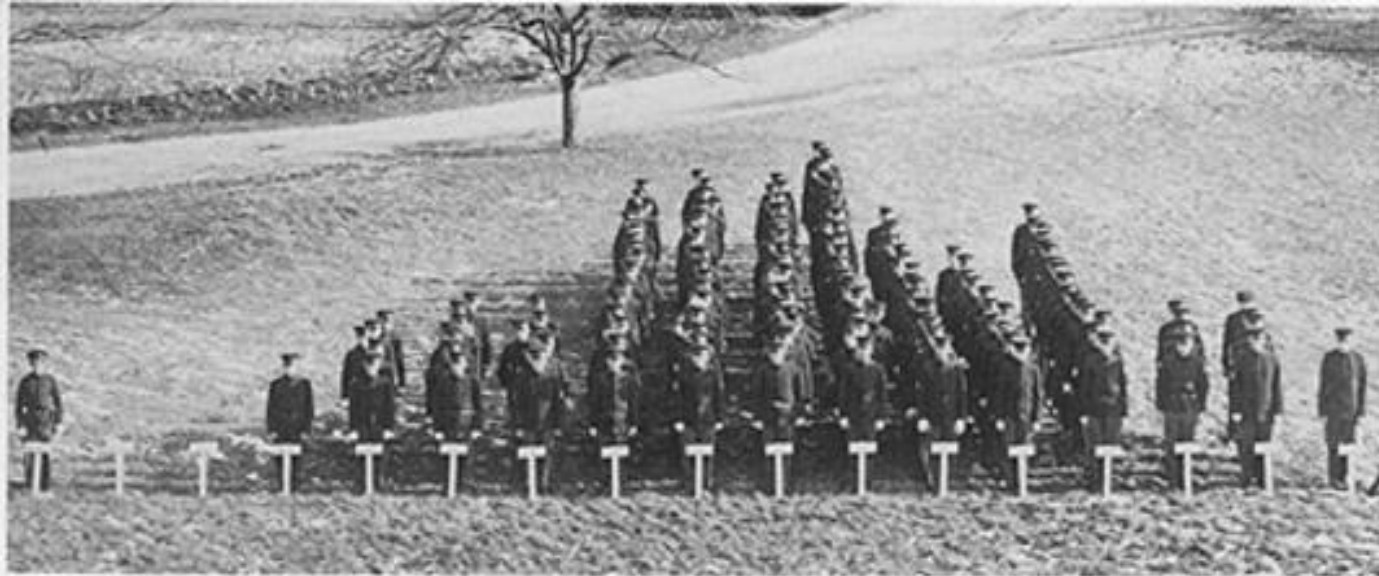
เฉลี่ย

15

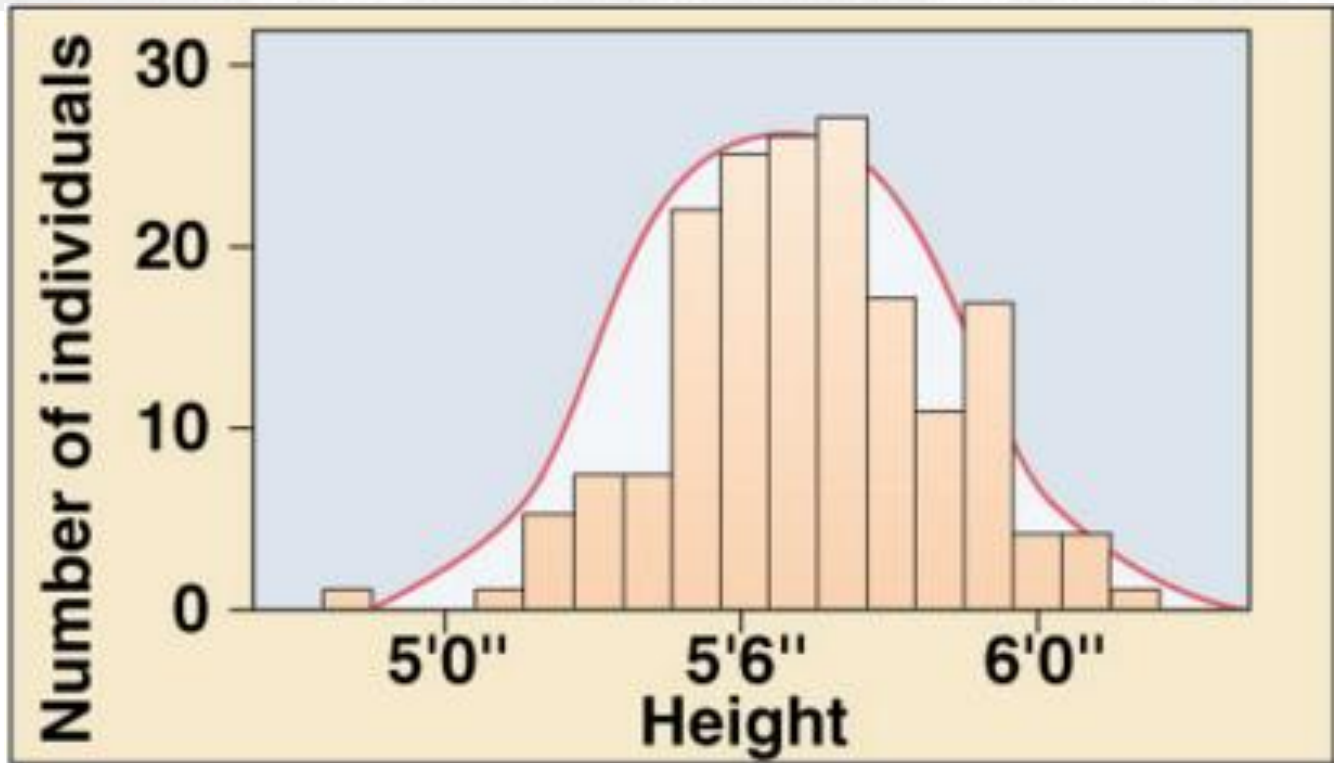
ข่มเกิน

Over dominance

ลักษณะบางอย่างในพืชและสัตว์  
มิได้แสดง phenotype ที่แตกต่างกัน  
อย่างชัดเจนมากพอที่จะแบ่งเป็น  
หมวดหมู่ได้



1 0 0 1 5 7 7 22 25 26 27 17 11 17 4 4 1  
 4'10" 4'11" 5'0" 5'1" 5'2" 5'3" 5'4" 5'5" 5'6" 5'7" 5'8" 5'9" 5'10" 5'11" 6'0" 6'1" 6'2"

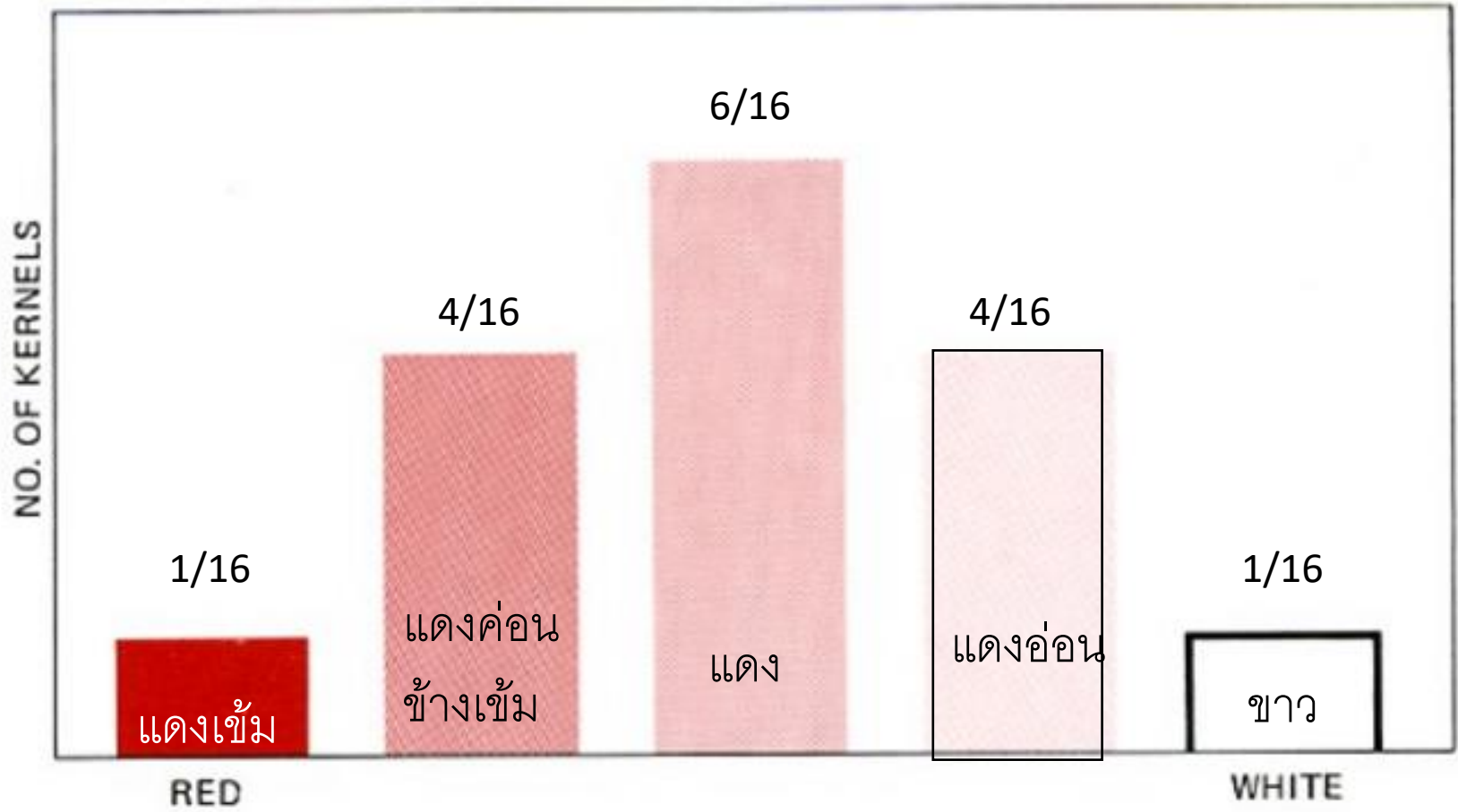




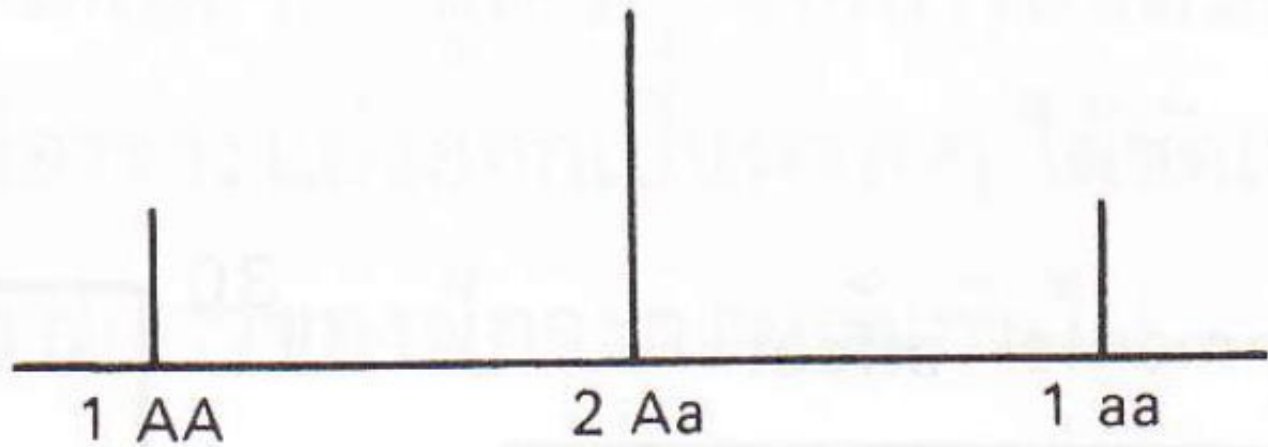




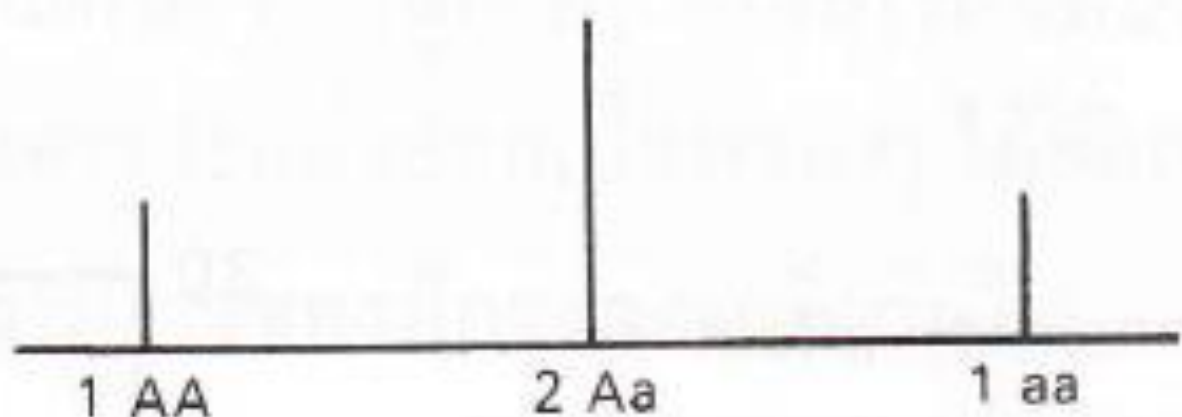
จีโนไทป์	จำนวนยีน นำสีแดง	ลักษณะสี (ฟีโนไทป์)	อัตราส่วน
AABB	4	แดงเข้ม ←	$\frac{1}{16}$
AABb, AaBB	3	แดงค่อนข้างเข้ม ←	$\frac{4}{16}$
AAbb, aaBB, AaBb	2	แดง ←	$\frac{6}{16}$
aaBb, Aabb	1	แดงอ่อน ←	$\frac{4}{16}$
aabb	0	ขาว ←	$\frac{1}{16}$



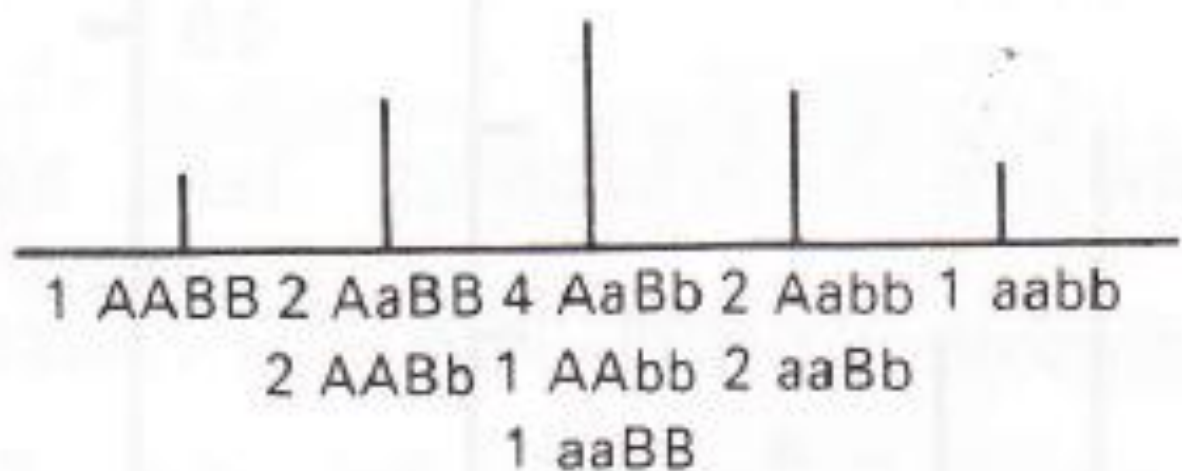
ยีน 1 คู่  
(Aa × Aa)



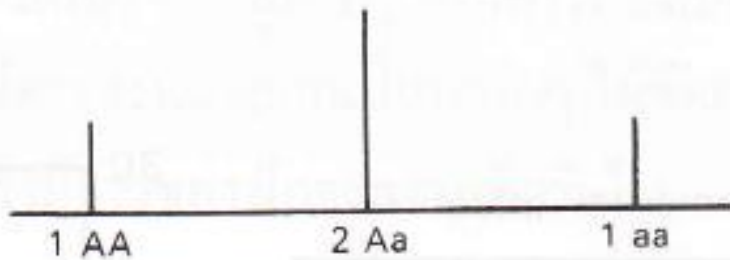
ជំន 1 កូ  
(Aa x Aa)



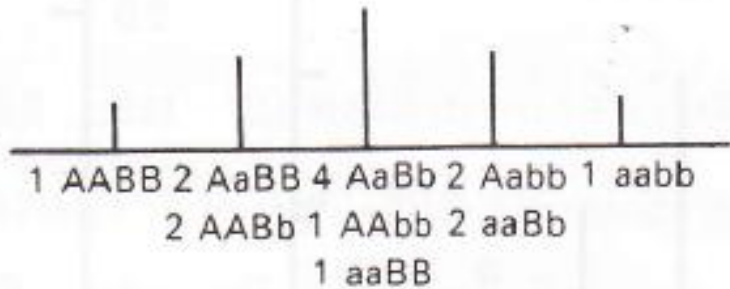
ជំន 2 កូ  
(AaBb x AaBb)



ยีน 1 คู่  
(Aa × Aa)



ยีน 2 คู่  
(AaBb × AaBb)



ยีน 3 คู่



ยีน 4 คู่



ยีน 6 คู่



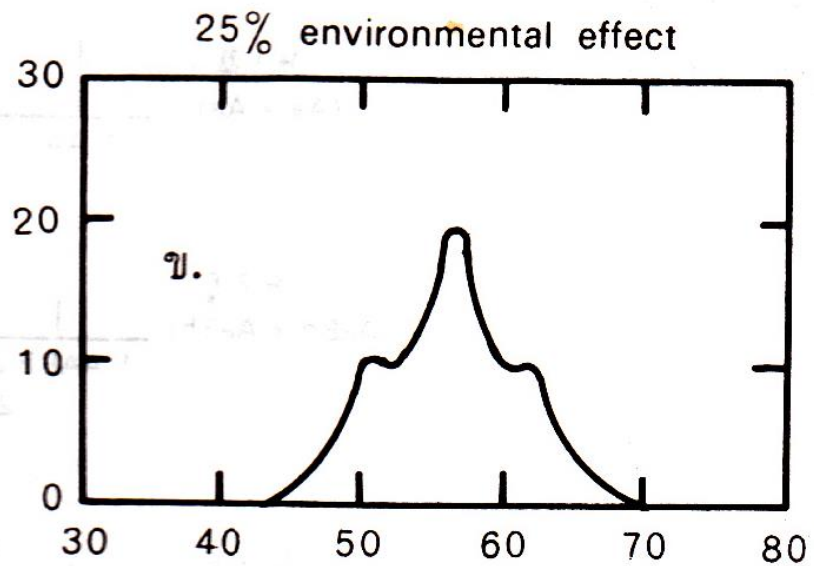
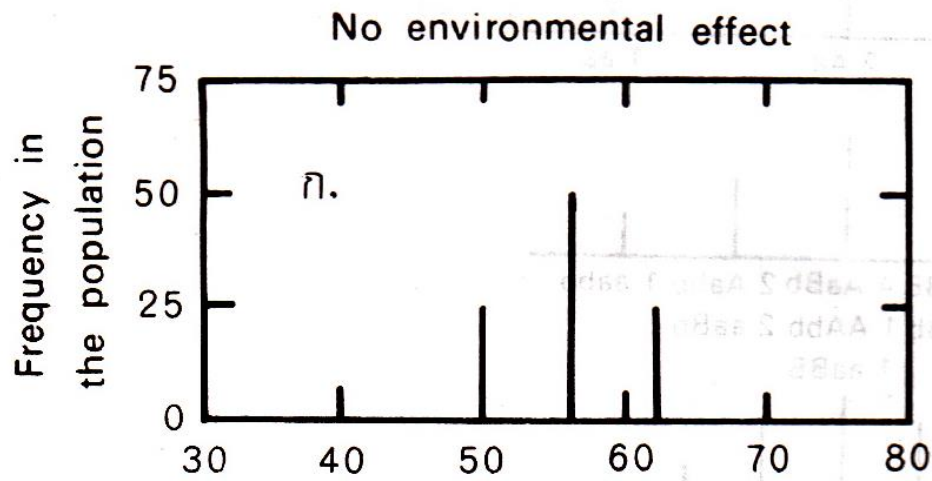
## Additive gene actions

การแสดงออกของยีนเป็นแบบบวก

- คือการที่ allele ที่เป็นตัวเพิ่มลักษณะแต่ละตัวให้ผลต่อลักษณะเท่าๆกัน  
ดังในการทดลองของ Nelson ในข้างต้น

H. Nelson-Ehle (1909)

ความเห็นว่าลักษณะเชิงปริมาณ เป็นลักษณะที่ควบคุม โดยยีนมากคู่แต่ละยีนที่เกี่ยวข้องจะมีผลต่อลักษณะ เท่ากัน การแสดงออกของยีนเป็นแบบบวก (additive) และจะมีผลแบบสะสม (คือ ยิ่งมีมากยีนขึ้นลักษณะจะ ยิ่งเด่นชัดขึ้น) นอกจากนั้นลักษณะปริมาณนี้จะ แปรปรวนได้ง่ายตามสภาพแวดล้อม





ในการศึกษาขั้นต้นของ Nelson ยืนยันที่ควบคุมแสดงผล  
แบบบวก additive แต่ในความเป็นจริงแล้วลักษณะ  
ปริมาณในพืชและสัตว์นั้นควบคุมโดยยีนที่แสดงออก  
หลากหลายไม่ว่าจะเป็นแบบข่มสมบูรณ์ ข่มไม่  
สมบูรณ์ ฯลฯ

## ลักษณะเชิงปริมาณ Quantitative trait

- คือลักษณะพันธุกรรมที่ถูกควบคุมด้วยยีนหลายคู่ ซึ่งยีนแต่ละคู่จะแสดงผลออกมาเล็กน้อย และผันแปรไปตามอิทธิพลของสิ่งแวดล้อม phenotype ที่ปรากฏให้เห็นมีการกระจายตัวของลักษณะเป็นแบบต่อเนื่อง ไม่สามารถจัดเป็นหมวดหมู่ได้

# Major gene

- ยีนที่ควบคุมลักษณะโดยตรง  
แสดงผลเด่นชัดถือว่าเป็นยีนที่  
ควบคุมลักษณะเชิงคุณภาพ

# Minor gene

- เป็นยีนที่มีผลต่อลักษณะเพียงเล็กน้อย แต่ถ้ามีหลายๆ ยีนรวมกัน ลักษณะก็จะเด่นชัดขึ้น ยีนนี้ควบคุมลักษณะเชิงปริมาณ

# อัตราพันธุกรรม Heritability ( $h^2$ )

- เป็นตัวบ่งบอกให้เห็นว่า ลักษณะที่พิจารณา นั้นเกิดจากผลของยีนเท่าใดและสภาพแวดล้อมเท่าใด
- ค่านี้จะรายงานเป็น % โดยค่าเปอร์เซ็นต์นี้บ่งบอกถึงสัดส่วนการควบคุมด้วยพันธุกรรม

# ลักษณะทางคุณภาพ

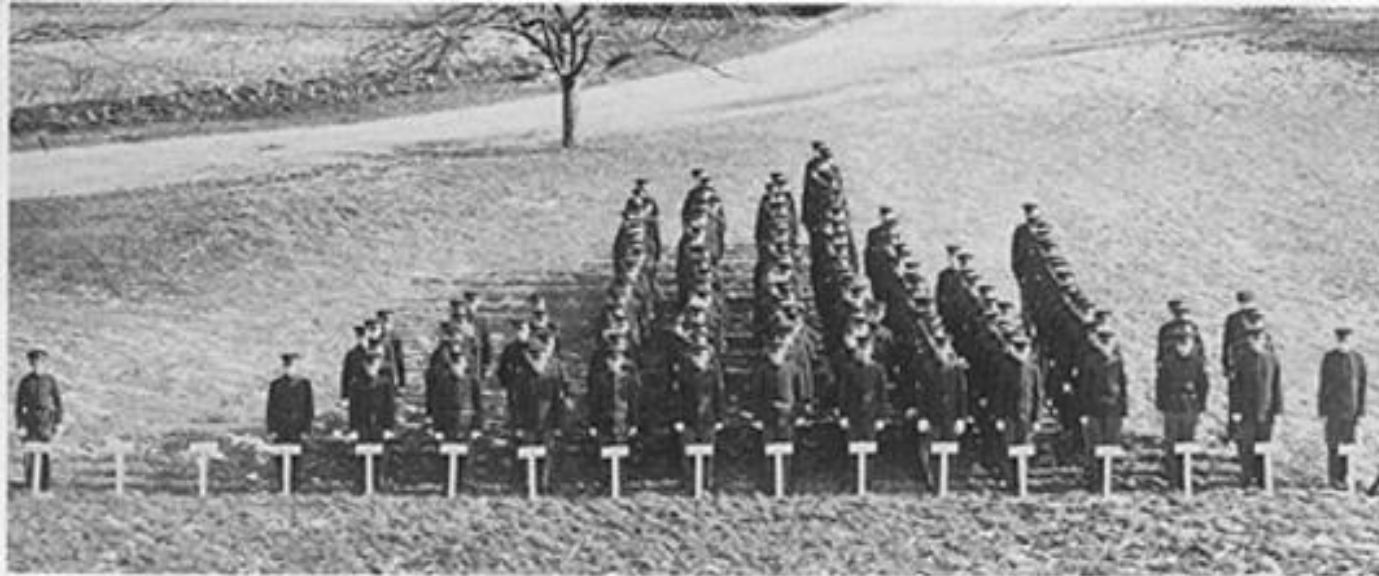
- มีอัตราพันธุกรรมสูงมาก บางลักษณะมีค่าสูงเป็น 100% โดยสภาพแวดล้อมไม่มีผลต่อลักษณะนั้นๆ เลย การแสดงออกขึ้นอยู่กับพันธุกรรมเพียงอย่างเดียว เช่น กรุ๊ปเลือดคน



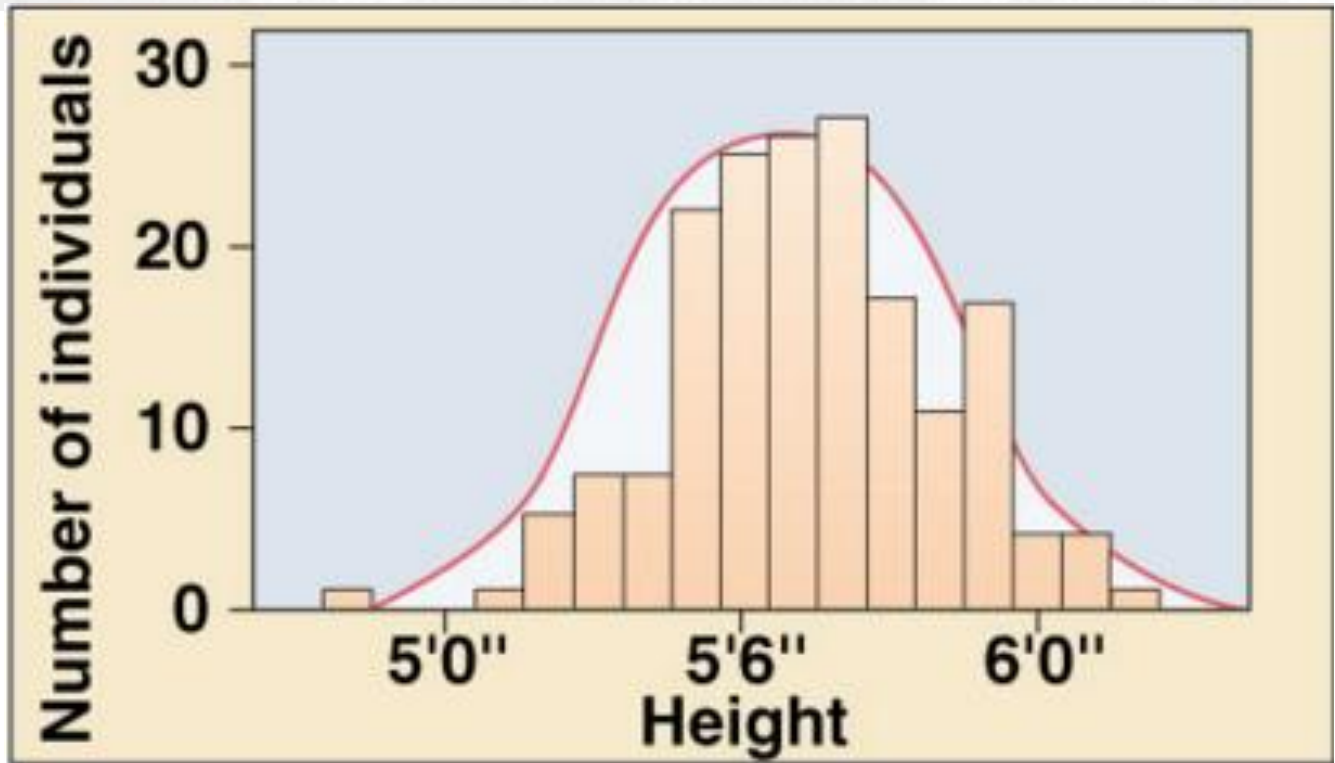
# ลักษณะทางปริมาณ

- จะมี heritability ต่ำกว่าลักษณะทางคุณภาพเพราะการแสดงออกของลักษณะขึ้นอยู่กับปัจจัยสภาพแวดล้อมค่อนข้างมากเช่น ลักษณะผลผลิตข้าวเปลือก ความสูงของคนเป็นต้น





1 0 0 1 5 7 7 22 25 26 27 17 11 17 4 4 1  
 4'10" 4'11" 5'0" 5'1" 5'2" 5'3" 5'4" 5'5" 5'6" 5'7" 5'8" 5'9" 5'10" 5'11" 6'0" 6'1" 6'2"



อัตราพันธุกรรม (Heritability,  $h^2$ ) แบ่งได้ 2 ประเภท

1. อัตราพันธุกรรมอย่างกว้าง

2. อัตราพันธุกรรมอย่างแคบ

อัตราพันธุกรรมจะรายงานเป็นเปอร์เซ็นต์

## อัตราพันธุกรรมอย่างกว้าง (Broad sense heritability)

- คือค่าที่บอกว่าคุณลักษณะนั้นๆ ถูกควบคุมโดยยีนในอัตราส่วนเท่าไร โดยไม่สนใจว่ายีนที่ควบคุมมี action หรือการแสดงออกอย่างไร

อัตราพันธุกรรมอย่างแคบ (Narrow sense heritability)

- เป็นค่าที่บอกว่าลักษณะนั้นๆ ถูกควบคุมด้วยยีนที่แสดงผลแบบบวก (additive gene action) ในสัดส่วนเท่าใด โดยยีนแสดงผลแบบบวกนี้เป็นยีนที่ตอบสนองต่อการคัดเลือก

# วาเรียนซ์ (Variance, $S^2$ )

- เป็นการวัดค่าการกระจายตัวของข้อมูลในกลุ่มตัวอย่างนั้นๆ หากค่านี้มากแสดงว่าข้อมูลกระจายตัวมากแต่หากค่านี้น้อยแสดงว่าข้อมูลกระจายตัวน้อย

จับหนูจากบ้านนาย “ก” และบ้านนาง “ข” มาบ้านละ 3 ตัว  
แล้วนำมาชั่งน้ำหนักเปรียบเทียบกัน

	น้ำหนักหนูแต่ละตัว (ก.)			น้ำหนักเฉลี่ย (ก.)
	ตัวที่ 1	ตัวที่ 2	ตัวที่ 3	
บ้านนาย ก	13	15	17	15
บ้านนาง ข	10	15	20	15

$$S^2 = (\sum(x-\bar{X})^2) \div (n-1)$$

$$S^2 = \text{วาเรียนซ์}$$

$x$  = ค่าสังเกตแต่ละค่าในกลุ่มตัวอย่างนั้น

$\bar{X}$  = ค่าเฉลี่ยของค่าสังเกตของทั้งกลุ่มตัวอย่างนั้น

$n$  = จำนวนตัวอย่าง

บ้านนาย “ก” มีหนู 3 ตัว มีน้ำหนักเฉลี่ย 15 กรัม



13



15



17

$$S^2 = \frac{[(13-15)^2 + (15-15)^2 + (17-15)^2]}{(3-1)}$$

$$S^2 = [4+0+4]/2$$

$$S^2 = 4$$



บ้านนาง “จ” มีหนู 3 ตัว มีน้ำหนักเฉลี่ย 15 กรัม



10



15



20

$$S^2 = \frac{[(10-15)^2 + (15-15)^2 + (20-15)^2]}{(3-1)}$$

$$S^2 = [25+0+25]/2$$

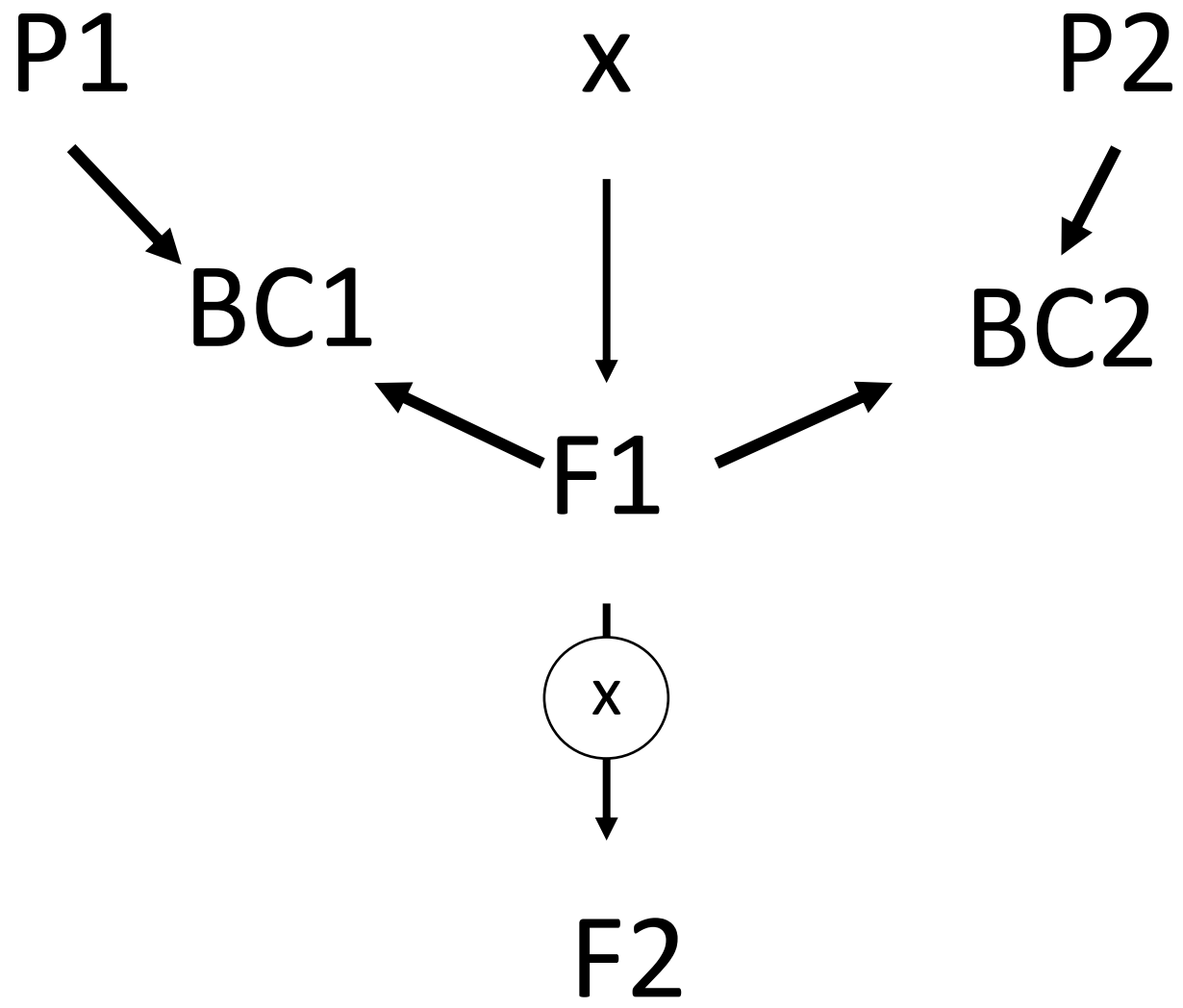
$$S^2 = 25$$

# จับหนูจากบ้านนาย “ก” และบ้านนาง “ข” มาบ้านละ 3 ตัว แล้วนำมาชั่งน้ำหนักเปรียบเทียบกัน

	น้ำหนักหนูแต่ละตัว (ก.)			เฉลี่ย	วาเรียนซ์
	ตัวที่ 1	ตัวที่ 2	ตัวที่ 3		
บ้านนาย ก	13	15	17	15	4
บ้านนาง ข	10	15	20	15	25

การคำนวณค่า  $h^2$  สามารถทำได้จากการเปรียบเทียบ  
วาเรียนซ์ของประชากร 6 ประชากรคือ

- ประชากรต้นแม่ P1
- ประชากรต้นพ่อ P2
- ประชากรลูกผสมชั่วที่ 1 F1
- ประชากรผสมกลับ (back cross) กลุ่มที่ 1 BC1
- ประชากรผสมกลับ (back cross) กลุ่มที่ 2 BC2
- ประชากรลูกผสมชั่วที่ 2 F2



โดยปลูกประชากรทั้งหกประชากรข้างต้นพร้อมกันใน  
สภาพแวดล้อมเดียวกัน แล้วจึงคำนวณหาวาเรียนซ์ของ  
แต่ละประชากร

	สัญลักษณ์แทนวาเรียนซ์ใน ประชากรต่างๆ
วาเรียนซ์ในประชากรต้นแม่ P1	$V_{P1}$
วาเรียนซ์ในประชากรต้นพ่อ P2	$V_{P2}$
วาเรียนซ์ในประชากรลูกผสมชั่วที่ 1 F1	$V_{F1}$
วาเรียนซ์ในประชากรผสมกลับกลุ่มที่ 1 BC1	$V_{BC1}$
วาเรียนซ์ในประชากรผสมกลับกลุ่มที่ 2 BC2	$V_{BC2}$
วาเรียนซ์ในประชากรลูกผสมชั่วที่ 2 F2	$V_{F2}$

# อัตราพันธุกรรมอย่างกว้าง

$$h^2 = (V_G \div V_P) \times 100$$

โดย

$$V_G = \text{วาเรียนซ์ที่เกิดจากพันธุกรรม} = V_{F2} - [(V_{P1} + V_{P2} + V_{F1}) \div 3]$$

$$V_P = \text{วาเรียนซ์ของฟีโนไทป์} = V_{F2}$$

$$h^2 = \frac{\{V_{F2} - [(V_{P1} + V_{P2} + V_{F1}) \div 3]\} \times 100}{V_{F2}}$$

## อัตราพันธุกรรมอย่างแคบ

$$h^2 = (V_A \div V_P) \times 100$$

$V_A$  = ความแปรผันเนื่องจากยีนที่แสดงผลแบบบวก

$$V_A = 2V_{F2} - (V_{BC1} + V_{BC2})$$

$$V_P = \text{ความแปรผันของฟีโนไทป์} = V_{F2}$$

$$h^2 = \frac{[2V_{F2} - (V_{BC1} + V_{BC2})] \times 100}{V_{F2}}$$



# ค่าเฉลี่ยและวาเรียนซ์ของอายุเก็บเกี่ยวมะเขือเทศ

ประชากร	ค่าเฉลี่ย (วัน)	วาเรียนซ์
P1	58.38	1.30 ( $V_{P1}$ )
P2	77.92	2.02 ( $V_{P2}$ )
F1	64.22	2.22 ( $V_{F1}$ )
BC1	60.00	7.08 ( $V_{BC1}$ )
BC2	65.12	9.11 ( $V_{BC2}$ )
F2	65.14	11.63 ( $V_{F2}$ )

# อัตราพันธุกรรมอย่างกว้าง

$$h^2 = \frac{\{V_{F2} - [(V_{P1} + V_{P2} + V_{F1}) \div 3]\} \times 100}{V_{F2}}$$

$$h^2 = \frac{\{11.63 - [(1.30 + 2.02 + 2.22) \div 3]\} \times 100}{11.63}$$

$$h^2 = \{11.63 - [1.85]\} \times 100 / 11.63$$

$$h^2 = 84.1\%$$

## อัตราพันธุกรรมอย่างแคบ

$$h^2 = \frac{[2V_{F2} - (V_{BC1} + V_{BC2})] \times 100}{V_{F2}}$$

$$h^2 = \frac{[2(11.63) - (7.08 + 9.11)] \times 100}{11.63}$$

$$h^2 = [23.26 - 16.19] \times 100 / 11.63$$

$$h^2 = 60.8 \%$$

# การใช้ประโยชน์จากค่าอัตราพันธุกรรม

ใช้ทำนายการตอบสนองต่อการคัดเลือก หรือ  
อาจเรียกว่าความก้าวหน้าในการคัดเลือก

(Response to selection, Genetic gain (Gs))

## ความก้าวหน้าในการคัดเลือก Genetic gain (Gs)

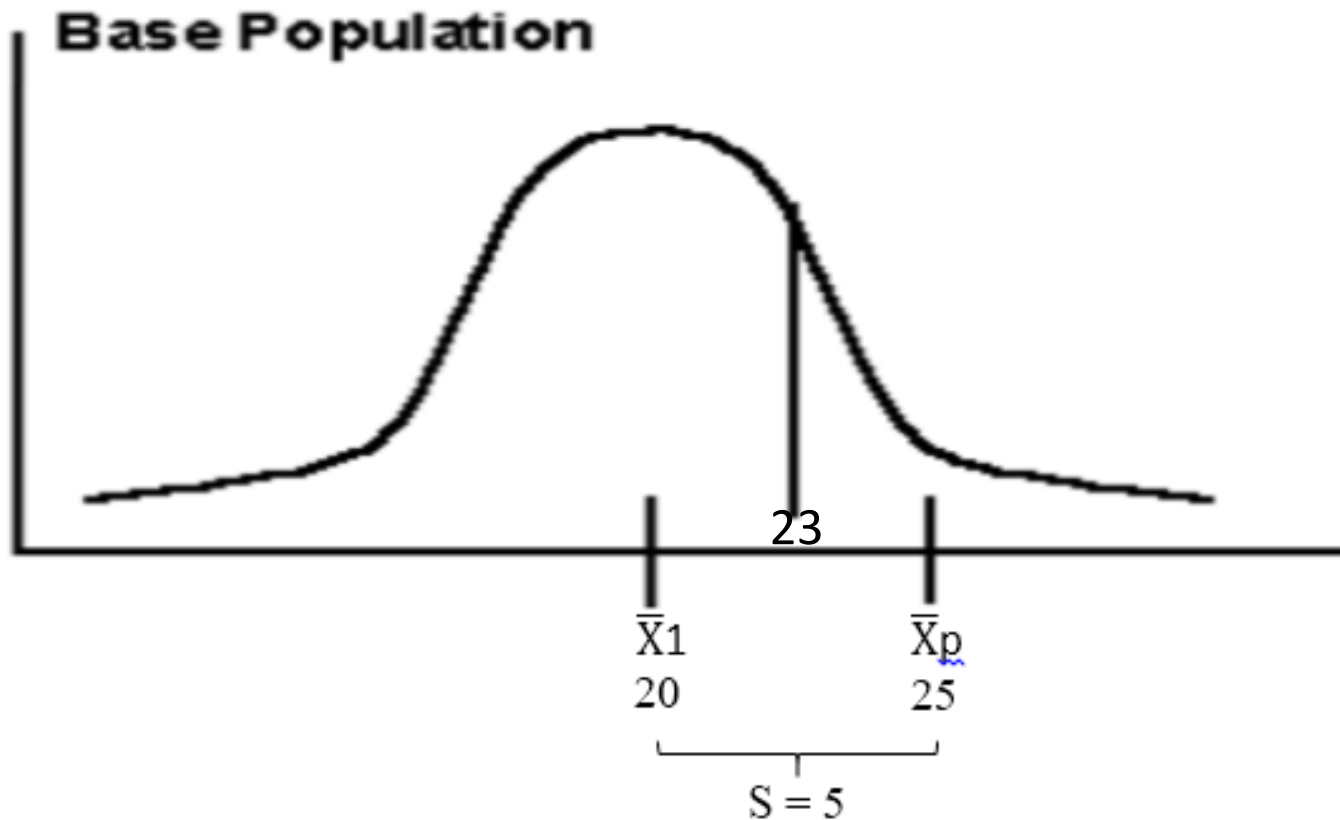
คือ การเพิ่มความเข้มข้นของลักษณะจากประชากรเดิม เช่น ความสูง ผลผลิต ขนาดของเมล็ด อายุเก็บเกี่ยว ฯลฯ โดยการคัดเลือก หรือกล่าวได้ว่าเป็นความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยของประชากรใหม่จากประชากรเดิมในแง่พันธุกรรม

คัดเลือกปรับปรุงตัวแดงให้มีน้ำหนักเมล็ดมากขึ้น (เมล็ดใหญ่ขึ้น)

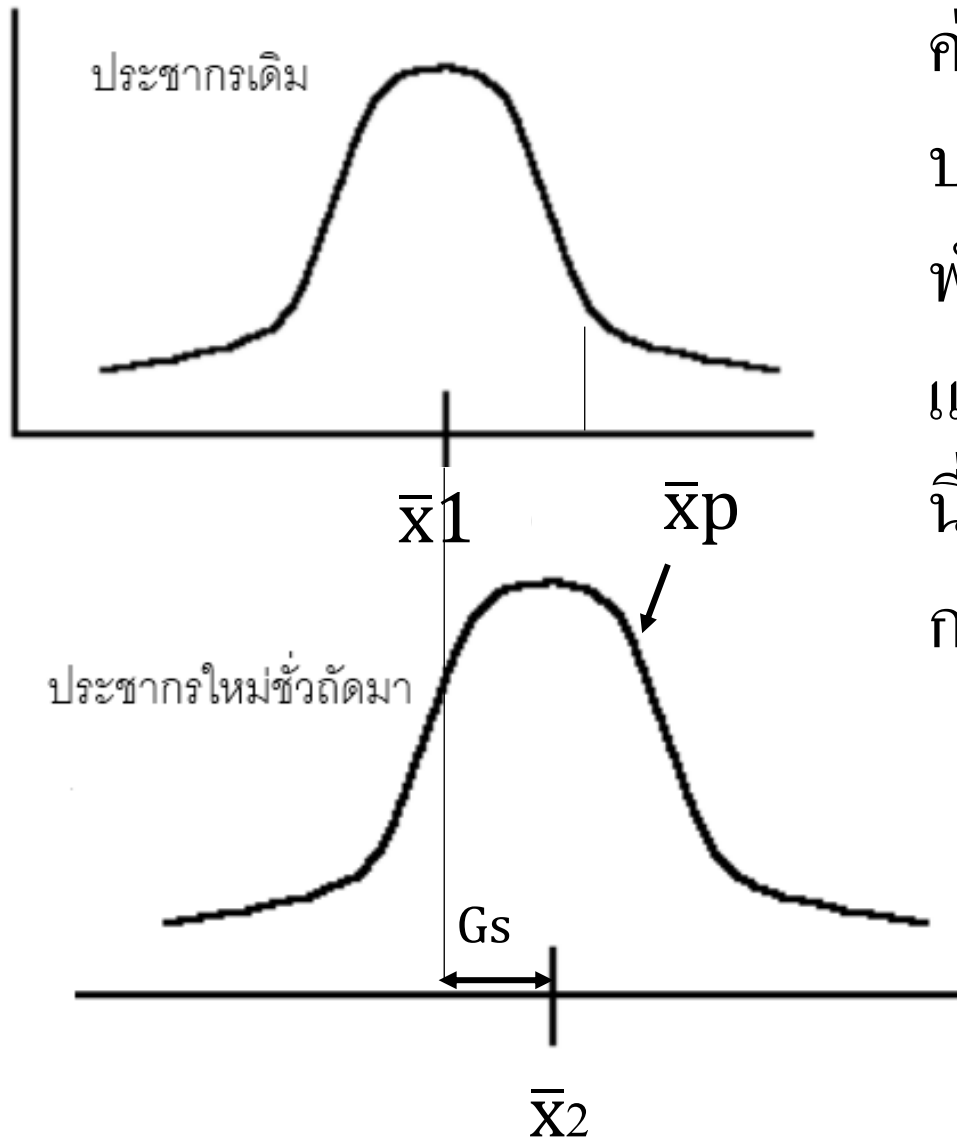
ค่าเฉลี่ยน้ำหนักเมล็ด ของประชากรที่ใช้เป็นฐาน ( $\bar{X}_1$ ) = 20 ก./100 เมล็ด

ค่าเฉลี่ยน้ำหนักเมล็ด ของต้นที่ถูกคัดเลือกไว้ ( $\bar{X}_p$ ) = 25 ก./100 เมล็ด

Selection differential ( $S$ ) =  $\bar{X}_p - \bar{X}_1$  = 5 ก./100 เมล็ด



# ถ้านำพืชที่คัดเลือกไว้ไปปลูกดูขนาดของเมล็ดแล้วหาค่าเฉลี่ย ( $\bar{X}_2$ )



ค่าเฉลี่ยของประชากรเดิมและประชากรใหม่แสดงถึงผลของพันธุกรรมภายในกลุ่มนั้น ความแตกต่างระหว่าง  $\bar{X}_2$  และ  $\bar{X}_1$  นี้เองที่เรียกว่าความก้าวหน้าในการคัดเลือก (Genetic gain,  $G_s$ )

$$G_s = \bar{X}_2 - \bar{X}_1$$

สามารถทำนายค่า Gs ได้ถ้าทราบอัตราพันธุกรรมอย่างแคบ

$$Gs = S \times h^2$$

แต่พึงระลึกไว้เสมอว่า  $h^2$  ที่จะนำมาแทนค่าในสมการนี้ จะต้องอยู่ในรูปอัตราส่วน ไม่ใช่เปอร์เซ็นต์ เช่นหากเราหาอัตราพันธุกรรมอย่างแคบของน้ำหนักเมล็ดถั่วแดงได้ 80% ต้องทำให้เป็นอัตราส่วนคือ  $80/100 = 0.8$  เสียก่อนจึงจะนำไปแทนค่าได้



$h^2 = 80\%$  ทำเป็นอัตราส่วน 0.8

$$S = 25 - 20 = 5$$

$$G_s = S \times h^2$$

$$= 5 \times 0.8$$

$$= 4$$

ค่าเฉลี่ยประชากรในรุ่นถัดไปที่ผ่านการคัดเลือกมาแล้ว  
จะมีน้ำหนักเมล็ดเท่าไร

$$\bar{X}_2 = \bar{X}_1 + G_s$$

$$= 20 + 4$$

$$= 24 \text{ กรัม/100 เมล็ด}$$

# Thank you

