บทที่ 2

การตรวจเอกสาร

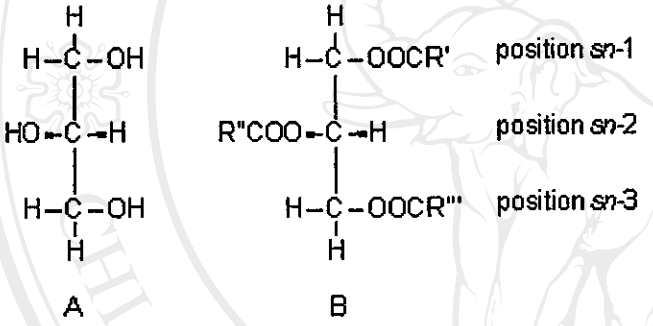
ความสำคัญของไขมัน

อาหารที่หล่อเลี้ยงชาวโลก 3ใน4ส่วนได้จากธัญพืชเช่น ข้าวสาลี ข้าวโพด และข้าว เนื่องจากอุดมไปด้วยคาร์โบไฮเดรต โปรตีน และที่สำคัญคือไขมัน (FAO, 1992: Aisha and El Tinay, 2004;) ซึ่งมีความสำคัญต่อมนุษย์และสัตว์นอกจากนี้ยังช่วยในการงอกและการเจริญในช่วงแรกของพืชด้วย (Evans,1993; Peter and Richard, 1999) ไขมันพืชไม่เพียงแต่ใช้เป็นแหล่งอาหารแล้วยังใช้เป็นวัตถุดิบในอุตสาหกรรมต่างๆด้วยซึ่งไขมันพืชจะประกอบด้วย unsaturated fatty acid มากกว่าไขมันจากสัตว์ ซึ่ง unsaturated fatty acid มีความจำเป็นต่อกระบวนการต่างๆภายในร่างกายมนุษย์ เช่น linoleic acid และlinolenic acid ส่วนประโยชน์ในการเป็นวัตถุดิบในอุตสาหกรรม เช่นอุตสาหกรรมเครื่องสำอาง การผลิตสี วัสดุในการทำความสะอาด น้ำมันเชื้อเพลิง เนยเทียม สารหล่อลื่น เป็นต้น(Dennis, 1997) ไขมันที่สกัดออกมาจากวัตถุดิบพืช นอกจากประกอบด้วยไตรกลีเซอไรด์เป็นส่วนใหญ่แล้ว ยังมีสารประกอบอื่นๆ ปนอยู่อีกด้วย ได้แก่ ฟอสโฟลิปิด สเตอรอล ไฮโดรคาร์บอน สารสีที่ละลายได้ในไขมัน และวิตามินอีหรือเทอโคเฟอรอล(tocopherol)(พันทิพา, 2533) นอกจากนี้ยังมี Oryzanol ซึ่งเป็นสารที่คล้ายคลึงกับเทอโคเฟอรอลในไขมันของเมล็ดข้าว (Henry and kettlewell,1996; Gopala Krishna, Prabhakar and sen, 1984) ทั้งวิตามิน E และOryzanol ต่างก็มีคุณสมบัติเป็น antioxidant ช่วยลดปริมาณของ cholesterol ใน plasma ลดอันตรายที่เกิดจากโรคเส้นเลือดหัวใจอุดตัน นอกจากนี้ gamma oryzanal ที่สกัดได้จากน้ำมันรำข้าวยังช่วยในการเจริญเติบโตของ cell ใหม่ จึงทำให้มีการนำไปใช้ในอุตสาหกรรมเครื่องสำอางอีกด้วย(Scavariello and Arellano, 1998) ปริมาณของสารประกอบเหล่านี้จะมากหรือน้อยขึ้นอยู่กับวัตถุดิบและแหล่งที่มาของวัตถุดิบนั้นๆ นอกจากนี้ยังมีสารประกอบบางชนิดที่เกิดขึ้นภายหลังกระบวนการแปรรูป หรือเกิดขึ้นระหว่างการเก็บรักษา เช่น กรดไขมันอิสระและสารประกอบพวกเปอร์ออกไซด์ เป็นต้น(ศศิเกษม และพรรณี, 2530)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

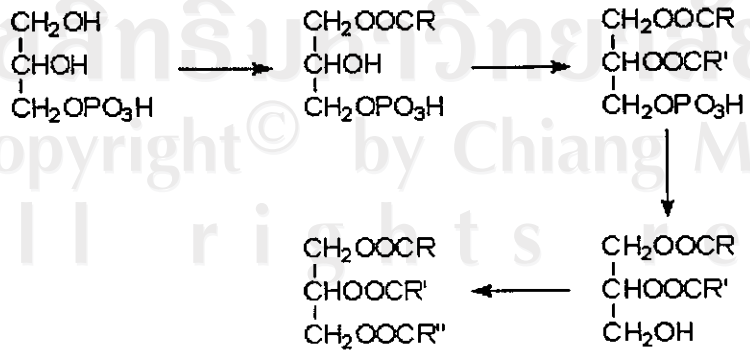
โครงสร้างและองค์ประกอบทางเคมีของไขมันในเมล็ด

ไขมันที่พบในธัญพืชมีโครงสร้างซับซ้อนเพราะเกิดจากสารประกอบหลายๆตัวรวมกัน(Carl, 1994) ไขมันทุกชนิดประกอบด้วยไตรกลีเซอไรด์หลายชนิดผสมกันอยู่ หรือเป็นเอสเตอร์ของกรดไขมัน 3 โมเลกุล กับกลีเซอรอล 1 โมเลกุล เรียกว่าไตรกลีเซอไรด์ หรือไตรเอซิลกลีเซอรอล และในโมเลกุลของไตรกลีเซอไรด์แต่ละชนิดยังประกอบไปด้วยกรดไขมันที่แตกต่างกันอีกด้วย(William, 1997; Brockerhoff and Yurkowski, 1966;) ซึ่งอาจเป็นทั้งกรดไขมันชนิดอิ่มตัวและกรดไขมันชนิดไม่อิ่มตัว ดังนั้นไตรกลีเซอไรด์ในไขมันที่ได้จากธรรมชาติจึงเป็นไตรกลีเซอไรด์ผสม(Christie, 1986) Padley *et al.* (1994)



ภาพแสดงโครงสร้างของ glycerol (A) และ a triacyl-*sn*-glycerol (B).(Kuksis, 1996)

ชนิดและปริมาณของกรดไขมันที่เป็นองค์ประกอบในโมเลกุลของไตรกลีเซอไรด์ที่มีอยู่ในไขมันชนิดต่างๆ จะเป็นตัวกำหนดสมบัติของไขมันแต่ละชนิดให้แตกต่างกัน(ลักขณาและนิธิยา, 2540; Laakso, P., 1996)



ภาพแสดง biosynthetic pathway ของ triacylglycerols (Lehner and Kuksis, 1996)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

ปริมาณไขมันและกรดไขมันเป็นองค์ประกอบที่มีความจำเพาะในไขมันของพืชแต่ละชนิด ปริมาณไขมันในเมล็ดธัญพืชเช่น ข้าวสาลี ข้าวบาร์เลย์ ข้าวไรย์ข้าวทริติเคลี และข้าวจะมีประมาณ 1 – 3%(อรอนงค์, 2538; Morrison, 1978) ส่วนในข้าวโพด และถั่วเหลืองจะมีเปอร์เซ็นต์ไขมันคือ 5 และ19 ตามลำดับ(Okuno, 1978) และในแต่ละส่วนของเมล็ดข้าวและต้นข้าวก็ยังมีความแตกต่างกันในปริมาณของไขมัน (Kent, 1975; Juliano, 1977; Fujino, 1978) โดยในข้าวเปลือก ข้าวกล้อง ข้าวขาว รำข้าว และเปลือกข้าวมีปริมาณไขมันโดยรวมประมาณ 1.5-2.3, 1.6-2.8, 0.3-0.5, 15.0-19.7 และ 0.3-0.8 ตามลำดับ (Juliano, 1985; Eggum, Juliano and Maningat, 1982; Pedersen and Eggum, 1983) ในชั้นของ aleurone และ เซลล์เอ็มบริโอประกอบด้วยไขมันอยู่เป็นจำนวนมากประมาณ 8% และ 28.5% (Tanaka *et al.*, 1973; Tanaka, Ogawa and Kasai, 1977; IRRI, 1993) การสกัดไขมันโดยทั่วไปใช้ตัวสารละลาย petroleum ether ด้วยวิธี Soxhlet และมีการใช้ hexane ในการสกัดไขมันจากธัญพืช เมล็ดพืชน้ำมัน ถั่วลิสง(Zecchinelli and Fossati, 1983; Vijjan and Bedi, 1984; Zayas and Lin, 1989; Almazan and Begum, 1996; Aurea and Samuel, 1998)

Juliano (1966) กล่าวว่าไขมันในข้าวประกอบด้วยกรดไขมันหลักๆคือ palmitic acid, oleic acid และlinoleic acid รวมกันถึง 95%ของกรดไขมันทั้งหมด ซึ่ง linoleic acid มีผลช่วยลด cholesterol ในเลือด ในข้าวกล้องและรำมีอยู่มากถึง 30 – 50% ของกรดไขมันทั้งหมด เนื่องจากกรดไขมันเป็นองค์ประกอบที่สำคัญในไขมันดังนั้นการเปลี่ยนแปลงหรือความแตกต่างที่เกิดขึ้นจึงมีผลต่อไขมันด้วย พันธุ์ข้าวปลูกมีความแตกต่างกันขององค์ประกอบกรดไขมันและปัจจัยของสิ่งแวดล้อมมีผลต่อความหลากหลายดังกล่าวด้วย Dennis (1997)กล่าวว่าอุณหภูมิมีผลต่อไขมันและกรดไขมันในระยะสะสมน้ำหนักแห้งของเมล็ด ซึ่งโดยทั่วไปอุณหภูมิสูงจะเพิ่มไขมันและกรดไขมัน ยกเว้น linoleic acid และ linolenic acid นอกจากนี้ Taira *et al.* (1988) ยังได้ศึกษาถึงความหลากหลายขององค์ประกอบของกรดไขมันในข้าวกล้อง พบความแตกต่างกันในปริมาณของกรดไขมันแต่ละชนิดในข้าวจาโปนิก้า, อินดิก้า และซินิก้า เช่น palmitic acid มีปริมาณระหว่าง 15.2 – 19.6% และมีความแตกต่างทางสถิติระหว่างกลุ่มพันธุ์ด้วย Wilson *et al.* (1982) กล่าวว่าแมงกานีสมีบทบาทในกระบวนการเมตาบอลิซึมที่สลับซับซ้อน เมื่อพืชขาดธาตุนี้คลอโรฟิลล์ในใบจะลดลง และองค์ประกอบสำคัญของเยื่อหุ้มไทลาคอยด์ เช่นไกลโคลิพิดและกรดไขในไม่อิ่มตัวยังลดลงถึง 50 % จึงเชื่อว่าแมงกานีสมีบทบาทต่อการสังเคราะห์กรดไขมัน (ยงยุทธ, 2543) นอกจากนี้ผลผลิตและปริมาณน้ำมันในเมล็ดถั่วเหลืองลดลงมากเมื่อขาดธาตุนี้ เนื่องจากอัตราการสังเคราะห์แสงต่ำจึงขาดแคลนโครงคาร์บอนที่ใช้ในการสังเคราะห์กรดไขมัน Ayala *et al.* (1992) พบว่าพืชที่ขาดทองแดงมีอัตราการตรึงคาร์บอนไดออกไซด์สุทธิ(ต่อน้ำหนักคลอโรฟิลล์หรือต่อ

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

พื้นที่ผิวใบ)ลดลงประมาณ 50% และน่าจะมีผลต่อการสังเคราะห์แสงและเกิดการปรับเปลี่ยนสัดส่วนของลิพิดให้มีพวกไม่อิ่มตัวน้อยลง เช่นจาก 18:3 เป็น 18:2 ทำให้องค์ประกอบกรดไขมันเปลี่ยนแปลง Wyss *et al.* (1991); Hayati *et al.*(1996) กล่าวว่า ไนโตรเจนและคาร์บอน มีอิทธิพลต่อองค์ประกอบของเมล็ด และจากการศึกษาทดลองพบว่าการใส่ไนโตรเจนที่ต่างกันสามารถเปลี่ยนแปลงระดับของโปรตีน คาร์โบไฮเดรต รวมทั้งไขมันที่สอดคล้องไปด้วยกัน Yazdi Samadi *et al.* (1977) กล่าวว่าความเข้มข้นของน้ำมันในเมล็ดถั่วเหลืองจะต่ำในช่วงเริ่มต้นพัฒนาเมล็ด และสูงขึ้นตามการพัฒนาของเมล็ด ในขณะที่แป้ง(starch)ลดลงในช่วงพัฒนาเมล็ดจนใกล้ศูนย์ที่ระยะสุกแก่ทางสรีระวิทยา แสดงให้เห็นว่าแป้งถูกสลายเพื่อเป็นแหล่งของคาร์บอนสำหรับการสังเคราะห์ไขมันและโปรตีน(Bewley and Black, 1994)

ความแปรปรวน (Variance)

ดำเนิน (2541) ได้อธิบายไว้ว่า การปรับปรุงพันธุ์พืชนั้น เป็นวิทยาศาสตร์ของการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างทางพันธุกรรมของพืช การที่จะประสบผลสำเร็จจำเป็นต้องมีความหลากหลายของโครงสร้างทางพันธุกรรมในกลุ่มพืชที่มีอยู่ เพื่อที่นักปรับปรุงพันธุ์จะสามารถทำการคัดเลือกเฉพาะพันธุกรรมที่ต้องการ ซึ่งความแตกต่างทางพันธุกรรมถูกควบคุมโดย gene มากมาย อีกทั้งสิ่งแวดล้อมยังมีอิทธิพลต่อการแสดงออกอีกด้วย ซึ่งจะทำให้ความแตกต่างทางพันธุกรรมของลักษณะไม่ชัดเจน ทำให้การกระจายตัวไม่เป็นสัดส่วน แต่จะเกิดการกระจายตัวต่อเนื่อง (continuous range) ลักษณะที่มีการแสดงออกเช่นนี้เรียกว่า ลักษณะเชิงปริมาณ (quantitative character) และพันธุศาสตร์ที่เกี่ยวข้องกับลักษณะเช่นนี้จึงเรียกว่า พันธุศาสตร์ปริมาณ (quantitative genetic) Shi et al. (2002); Zihong, Zhengzhong and Jun (2003) การแสดงออกของยีนในเมล็ดยังมีความจำเพาะกับสรีรวิทยาและสิ่งแวดล้อมภายนอกต้นแม่ อีกทั้งยังมีกลไกทางชีวเคมีใน embryo เช่นกรดต่างๆ โปรตีน ไขมัน แป้ง รวมทั้งการควบคุมโดย ยีนในนิวเคลียส ไซโตพลาสซึม มีการรายงานเกี่ยวกับการพัฒนาทางสรีรและพันธุกรรม(Dani and Kohel, 1989; Dani, 1991) การแยกแยะความแตกต่างจำเป็นต้องใช้วิธีการทางสถิติเข้ามาช่วยในการตัดสินใจของนักปรับปรุงพันธุ์พืช กฎเกณฑ์ทางสถิติที่มีคุณสมบัติช่วยได้แก่ mean, standard deviation and variance นอกจากนี้ยังมีวิธีการวิเคราะห์ทางพันธุกรรมโดยใช้ค่า phenotypic ใน model ต่างกัน (Wu and Stetter, 1994; Cao *et al.*, 2001) ค่าของ variance คือค่ายกกำลังสองของ standard deviation และทั้งสองค่าใช้เป็นค่าแสดงความกว้างหรือการกระจายตัวของ normal distribution รอบๆ ค่า mean สัญลักษณ์ที่ใช้ในการคำนวณค่า variance และ standard deviation คือ

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

	Sample	Population
standard deviation	S	σ
variance	S^2	σ^2

ค่า standard deviation และ variance สามารถคำนวณได้โดย

standard deviation (s) = $\sqrt{\frac{\sum x_i^2 - \frac{(\sum x_i)^2}{n}}{n-1}}$ or $\sqrt{\frac{\sum (x_i - x.)^2}{n-1}}$

variance = ค่ายกกำลังสองของ standard deviation

เมื่อค่า x. คือค่า mean ค่า x_i คือ ค่าที่วัดได้ในแต่ละ individual และ $\sum$ หมายถึงผลบวกของค่า individual นั้นทั้งหมด และ n คือจำนวน individual ที่นำมาคำนวณทั้งหมด ส่วน i หมายถึงค่า individual ที่ เจาะจง ดังนั้น x_1 หมายถึง ค่าของ individual ที่1 และ x_n หมายถึงค่าของ individual ที่ n ส่วน (n-1) นั้นเรียกว่า degree of freedom

พีระศักดิ์ (2525) อธิบายว่า ขนาดความผันแปรสามารถวัดได้โดยใช้ variance (ซึ่งเมื่อค่าใดๆ ก็ตามถูกวัดในรูปของค่าเบี่ยงเบนไปจากเฉลี่ยของประชากรแล้ว variance ก็จะเป็นเฉลี่ยของกำลังสองของค่าเหล่านี้) โดยที่ variance จะถูกแบ่งออกเป็นองค์ประกอบต่างๆ เหมือนกับเรื่อง values ตัวอย่าง เช่น ความผันแปรอันเนื่องมาจากพันธุกรรม (genotypic variance) ก็จะเป็น variance ของ genotypic values, ความผันแปรอันเนื่องมาจากสภาพแวดล้อม (environmental variance) จะเป็น variance ของ environmental deviations, ความผันแปรของค่าสังเกตที่วัดจากพืชหรือสัตว์ในประชากร (phenotypic variance) ก็คือ variance ของ phenotypic values เป็นต้น

องค์ประกอบของ variance และค่าที่วัดโดย variance นั้น ได้ แสดงไว้ในตารางต่อไปนี้ (กฤษฎา, 2544)

Components of Variance

Variance component	Symbol	Value whose variance is measured
Phenotypic	σ_P	Phenotypic value
Genotypic	σ_G	Genotypic value

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

Variance component	Symbol	Value whose variance is measured
Additive	σ_A	Breeding value
Dominance	σ_D	Dominance deviation
Interaction	σ_I	Interaction deviation
Environmental	σ_E	Environmental deviation

ดังนั้น $\sigma_P = \sigma_G + \sigma_E$

$= \sigma_A + \sigma_D + \sigma_I + \sigma_E + \sigma_{GE}$

Genotypic and environmental variance

การแบ่งแยก variance ออกเป็นส่วนที่เนื่องมาจากพันธุกรรมกับส่วนที่เนื่องมาจากสภาพแวดล้อม ทำให้เราสามารถเปรียบเทียบความสำคัญระหว่างองค์ประกอบทั้งสองนี้ในการควบคุม phenotypic value เช่น ความสำคัญของ genotype ต่อ phenotypic value ก็คืออัตราส่วนของ genotypic variance ต่อ phenotypic variance, σ_G / σ_P(ในภายหลังจะเห็นว่า ค่านี้คือ broad sense heritability นั่นเอง)

ปกติแล้วเราไม่สามารถประเมินองค์ประกอบทางพันธุกรรมและทางสภาพแวดล้อม จากค่าสังเกตในประชากรได้ แต่เราสามารถประเมินบางองค์ประกอบโดยการศึกษาภายใต้สภาพการทดลองเพื่อกำจัดองค์ประกอบอื่นๆ ออกไป แล้ว phenotypic variance ที่ได้ก็จะเป็นค่าประเมินขององค์ประกอบที่เหลือ แต่ความผันแปรอันเนื่องมาจากสภาพแวดล้อม ไม่สามารถที่กำจัดออกไปได้เพราะโดยคำจำกัดความแล้ว มันคือความผันแปรอื่นๆ ทุกชนิด (non – genetic variance) นอกเหนือไปจากความผันแปรอันเนื่องมาจากพันธุกรรมและในทางปฏิบัตินั้นเราไม่สามารถควบคุมมันได้มากนัก ส่วนความผันแปรอันเนื่องมาจากพันธุกรรมอาจสามารถกำจัดได้ในสภาพการทดลอง ตัวอย่างเช่น การใช้สายพันธุ์แท้ (inbred lines) หรือ ลูกชั่วที่1 ซึ่งเกิดจากการผสมพันธุ์ระหว่างสายพันธุ์แท้ 2 สายพันธุ์ จะมีสมาชิกในประชากรที่มีองค์ประกอบทางพันธุกรรมเหมือนกันทุกประการ ดังนั้นจึงไม่มีความผันแปรอันเนื่องมาจากพันธุกรรมในระหว่างสมาชิก มีแต่ความผันแปรอันเนื่องมาจากสภาพแวดล้อมเท่านั้น

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright © by Chiang Mai University
All rights reserved

กล่าวคือ phenotypic variance ที่เกิดขึ้นก็จะเป็นค่าประเมินของ environmental variance, σ_E ซึ่งถ้าเราหักค่านี้ออกจาก phenotypic variance ของประชากรที่ประกอบด้วยสมาชิกที่มีความผันแปรทางพันธุกรรมก็จะได้ค่าประเมินของ genotypic variance ของประชากรนั้น

การแบ่ง phenotypic variance ออกเป็น genotypic และ environmental variance ยังไม่สามารถทำให้เราเข้าใจถึงคุณสมบัติทางพันธุกรรมของประชากรนั้นได้เพราะมันยังบอกสาเหตุของความคล้ายคลึงระหว่างเครือญาติไม่ได้ ดังนั้นเราจึงต้องแบ่ง σ_G ออกเป็น $\sigma_A + \sigma_D + \sigma_I$ อีก เราก็ได้ทราบว่า additive variance หรือ variance ของ breeding value เป็นองค์ประกอบที่สำคัญที่สุดในการควบคุมความคล้ายคลึงระหว่างเครือญาติ มันจึงเป็นส่วนสำคัญที่ทำให้ประชากรมีการตอบสนองต่อการคัดเลือกด้วย

สัดส่วนทางพันธุกรรม (Heritability)

เนื่องจากความแปรปรวนของลักษณะต่างๆ ขึ้นอยู่กับค่าความแปรปรวนทางพันธุกรรม (σ_G^2) ซึ่งเป็นความแปรปรวนที่ถ่ายทอดไปหารุ่นต่อไปได้ แต่ลักษณะต่างๆ แสดงออกได้มากหรือน้อยยังขึ้นอยู่กับสภาพแวดล้อม ทำให้การแสดงออกของพันธุกรรมเปลี่ยนแปลงไปตามสภาพแวดล้อม (σ_E^2) ถ้าพันธุกรรมอ่อนไหวต่อการเปลี่ยนแปลงของสภาพแวดล้อม การแสดงออกของลักษณะจะเปลี่ยนแปลงไปตามสภาพแวดล้อม หรืออาจกล่าวว่า การแสดงออกของลักษณะมีประสิทธิภาพต่ำและคาดการได้ลำบาก ดังนั้น heritability คือการวัดปริมาณของความแปรปรวนที่เกิดจากพันธุกรรม (genetic constitution) ในความแปรปรวนทั้งหมด (Allard, 1960)

$$\text{broad sense heritability } (h^2_b) = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma_E^2}$$

การวัดประสิทธิภาพการถ่ายทอดพันธุกรรมข้างต้นเรียกว่า broad sense heritability เป็นการวัดอัตราส่วนของความแปรปรวนทางพันธุกรรมทั้งหมด (พันธุกรรมผลบวก + พันธุกรรมที่ไม่ใช่ผลบวก) ต่อความแปรปรวนทั้งหมดที่เกิดขึ้น (พันธุกรรม + สภาพแวดล้อม) แต่พันธุกรรมที่ไม่ใช่ผลบวก (dominance + epistasis) เป็นพันธุกรรมที่คาดการได้ยาก (low predictability) ส่วนพันธุกรรมผลบวกสามารถคาดการณ์ได้สูง จากรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่ง (high predictability) ดังนั้น การวัดค่าการถ่ายทอดพันธุกรรม จึงนิยมใช้ความผันแปรทางพันธุกรรมผลบวกเป็นเกณฑ์

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

$$\text{narrow sense heritability } (h^2_n) = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_G^2 + \sigma_E^2}$$

การวัดการถ่ายทอดพันธุกรรมโดยใช้พันธุกรรมผลบวกเป็นเกณฑ์เรียกว่า narrow sense heritability มีสูตรคล้าย broad sense heritability แต่มีตัวตั้งเป็น σ_A^2 แทนที่จะเป็น σ_G^2 ซึ่ง heritability แบบนี้ให้ประโยชน์มากกว่า เพราะ σ_D^2 และ σ_I^2 เป็นคุณสมบัติของ genotype (ไม่ใช่ของยีน) จึงเปลี่ยนแปลงได้ในตอนแบ่งเซลล์แบบ meiosis ในแต่ละชั่วลูกที่ได้อาจมี genotype แตกต่างออกไป ค่า σ_G^2 ก็เปลี่ยนไปด้วย อย่างไรก็ตาม broad sense heritability ก็มีประโยชน์ใน 2 กรณี คือ

1. เมื่อพืชนั้นขยายพันธุ์โดยอาศัยส่วนอื่นๆนอกเหนือจากเมล็ด นักปรับปรุงพันธุ์สามารถใช้ปฏิกิริยาของยีนทุกชนิดที่มีอยู่ในต้นที่ต้องการได้
2. เมื่อต้องการใช้ประโยชน์จาก hybrid vigor เช่น ในการสร้างลูกผสมชั่วที่ 1 จะเป็นการใช้ปฏิกิริยาของยีนทุกชนิดเช่นกัน

ในการประเมิน heritability เราจำเป็นต้องทราบว่าจะใช้หน่วยอ้างอิงชนิดใด ตัวอย่างของหน่วยที่ใช้คือ

1) ค่าสังเกตจากแต่ละต้น (single or individual plant basis)
2) ค่าสังเกตจากแปลงย่อย (progeny plot basis)
3) จากค่าเฉลี่ยของ 1 และ 2 หรือจาก progenies ภายใต้สภาพแวดล้อมเดียว
4) จากค่าเฉลี่ยของ 1 และ 2 หรือจาก progenies ภายใต้หลายสภาพแวดล้อม

ในทางทฤษฎี ค่าประเมินของ h^2 จะสูงขึ้นเมื่อใช้ค่าเฉลี่ยหลายๆ สภาพแวดล้อม ทั้งนี้เพราะ σ_P^2 จะมีแนวโน้มลดลง (เนื่องจาก σ_E^2 ลดลงนั่นเอง) ดังนั้นการเปรียบเทียบค่า h^2 ในลักษณะเดียวกันจึงควรทำด้วยความระมัดระวังเพราะขึ้นอยู่กับวิธีการประเมิน หน่วยที่ใช้ ประชากร สภาพแวดล้อม ขนาดของแปลงย่อย อัตราปลูก เป็นต้น

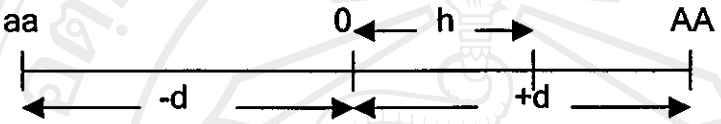
วิธีประเมินอัตราพันธุกรรม: สามารถประเมินจากหลายวิธี เช่น

1) วิธีรีเกรสชั่น โดยเอาข้อมูลจาก 2 ชั่วมาหาสัมประสิทธิ์ของรีเกรสชัน เช่นรีเกรสชันลูกผสมชั่วที่ 2 บนชั่วที่ 1 หรือชั่วที่ 3 บนชั่วที่ 2 เป็นต้น หรือ

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

2) คำนวณจากองค์ประกอบของความแปรปรวนในประชากรที่สม่ำเสมอทางพันธุกรรมและลูกผสมของประชากรนั้น

ในที่นี้จะกล่าวถึงวิธีที่ 2 ดังนี้คือ ในประชากรที่มีความสม่ำเสมอทางพันธุกรรม เช่น มี genotype เหมือนกัน(พ่อ, แม่ และลูก F_1)ในลักษณะที่เราศึกษานั้น ความแปรปรวนที่พบเกิดจากสภาพแวดล้อมทั้งสิ้น แต่ลูกผสม(F_2)ที่ได้จะมีความแปรปรวนทั้งทางพันธุกรรมและเนื่องจากสภาพแวดล้อม ซึ่งมีวิธีการคำนวณโดยการวิเคราะห์ลักษณะของยีน ดังนี้



การคำนวณเป็นการคำนวณจากการเบี่ยงเบนจากค่า mid-parent และอย่าลืมว่าลักษณะทางปริมาณนั้นจะเป็นพฤติกรรมของหลาย gene รวมกัน แต่ละ gene จะมีพฤติกรรมเช่นนี้ ซึ่งคำนวณได้จากการผสมระหว่าง homozygous 2 parents ที่แตกต่างกัน

F_1 mean จะมีค่าเท่ากับ h สำหรับแต่ละ gene ดังนั้นสำหรับหลาย gene **F_1 mean** = $\sum h_a$ (เมื่อ a คือจำนวนของ gene)

F_1 variance เป็นค่าของสิ่งแวดล้อมทั้งหมด

F_2 mean = $\frac{1}{4}(-d) + \frac{1}{2}h + \frac{1}{4}(+d) = \frac{1}{2}h$

สำหรับหลาย gene ค่า

F_2 mean = $\frac{1}{2}\sum h_a$

F_2 variance คำนวณได้จากผลบวกของ frequency ของ genotype คูณด้วย ค่ายกกำลังสองของค่าเบี่ยงเบนไปจาก F_2 mean ซึ่งเท่ากับ

$\frac{1}{4}(-d - \frac{1}{2}h)^2 + \frac{1}{2}(h - \frac{1}{2}h)^2 + \frac{1}{4}(d - \frac{1}{2}h)^2 = \frac{1}{2}d^2 + \frac{1}{4}h^2$

สำหรับหลาย gene ค่า

F_2 variance = $\frac{1}{2}\sum(d_a^2) + \frac{1}{4}\sum(h_a^2)$

หากให้ $\sum(d_a^2) = D$ และ $\sum(h_a^2) = H$ และ **Environmental variance** คือ **E** จะสรุปได้ดังนี้

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

	Mean	Variance
F_1	h	E
F_2	½ h	½ D + ¼ H + E

สรุปประโยชน์ของอัตราพันธุกรรม

1) เป็นตัวบอกปริมาณของความแปรปรวนทางพันธุกรรมเมื่อเทียบกับความแปรปรวนทั้งหมดที่เกิดขึ้น

2) ใช้ทำนายความก้าวหน้าในการคัดเลือกลักษณะ หรือการตอบสนองต่อการคัดเลือกว่าจะปรับปรุงไปได้แค่ไหนในเวลาและวิธีการคัดเลือกที่กำหนดให้

3) ใช้เป็นหลักในการเลือกใช้วิธีการคัดเลือกที่เหมาะสม เช่นถ้า h2 มีค่าสูงก็อาจใช้วิธีการคัดเลือกแบบง่ายๆได้ แต่ถ้ามีค่าต่ำก็จะคัดเลือกได้ยากเพราะสภาพแวดล้อมมีอิทธิพลมาก อาจต้องใช้วิธีทดสอบลูก (progeny test) เข้าช่วยด้วย ถ้าพบว่า non-additive genetic variance มีความสำคัญ(โดยการเปรียบเทียบระหว่าง h2- broad sense กับ h2- narrow sense) ก็อาจต้องใช้การคัดเลือกเพื่อปรับปรุงสมรรถนะเฉพาะหรือถ้าปฏิกิริยาระหว่างพันธุกรรมกับสภาพแวดล้อมมีมาก ก็อาจต้องใช้วิธีการคัดเลือกหลายๆแบบ และทำภายใต้หลายสภาพแวดล้อม เป็นต้น

การวิจัยเกี่ยวกับพันธุกรรมของปริมาณการสะสมไขมันและกรดไขมันในข้าว ไม่ค่อยมีการวิเคราะห์ทางพันธุกรรมกันมาก เพราะข้าวไม่ใช่วัตถุดิบหลักในอุตสาหกรรมการผลิตน้ำมันพืช งานวิจัยทางพันธุกรรมของไขมันมุ่งเน้นการใช้ประโยชน์เมล็ดข้าวให้ได้หลากหลายและการเพิ่มไขมันในข้าว การศึกษาเกี่ยวกับไขมันในเมล็ดโดยส่วนใหญ่จะเป็นด้านกระบวนการสังเคราะห์ทางสรีระ และด้านโภชนาการ สำหรับงานทางด้านพันธุกรรมเช่นในปี 1896 นักวิจัยแห่งมหาวิทยาลัยอิลินอยส์ใน สหรัฐอเมริกา ได้คัดเลือกเกี่ยวกับปริมาณไขมันในเมล็ดพันธุ์ข้าวโพดถึง 76 ชั่วพบการตอบสนองต่อการคัดเลือกของปริมาณไขมันในเมล็ด(Takane *et al.* 1997)นอกจากนี้ Matsuo *et al.* (1987) รายงานว่า มีความแตกต่างของ linoleic acid ไม่มากนักระหว่าง ข้าวกล้อง embryo และ aleurone leyer จึงเป็นไปได้ว่าสามารถพัฒนาพันธุ์ข้าวชนิดใหม่ที่มีพันธุกรรมของการสะสมไขมัน และlinoleic acid สูง ทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงองค์ประกอบของกรดไขมันในเมล็ด embryo และ aleurone layer เป็นเนื้อเยื่อที่มีการสะสมไขมันเป็นองค์ประกอบมากถึง 17.5 – 21.7% ซึ่งตำแหน่งที่มีการสะสมไขมันในเนื้อเยื่อพืชเป็นปัจจัยที่สำคัญสำหรับโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์เพื่อเพิ่มปริมาณไขมันในข้าวและมียีนที่สามรถเพิ่มปริมาณการสะสมไขมันได้อยู่ในยีนที่ควบคุมการสะสมไขมันใน embryo และ aleurone layer(Omura and

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

Satoh, 1981) ความก้าวหน้าในเทคโนโลยีด้านพันธุกรรมทำให้เป็นไปได้ที่จะสร้างไขมันพืชที่มีคุณภาพตามต้องการด้วยการควบคุมกระบวนการของเอนไซม์ที่เกี่ยวข้องในระดับเซลล์ เช่นในการปรับปรุงพันธุ์ของ rapeseed ให้มี lauric acid ถึง 45% โดยการถ่ายฝากยีน (Hans, 1999)

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved