



ภาคผนวก

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

Copyright© by Chiang Mai University

All rights reserved

ภาคผนวก ก

ขั้นตอนการแยกแอมป์ดีเอ็นเอ การย้อมดีเอ็นเอ ขั้นตอนการตกตะกอนดีเอ็นเอ
และการเตรียมสารละลายในกระบวนการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ

ขั้นตอนการแยกแอมป์ดีเอ็นเอด้วยวุ้นโดยผ่านกระแสไฟฟ้า (Electrophoresis)

1. วิธีเตรียม 34% Acrylamide solution

- Acrylamide 16.18 g
- N,N'methylenebisacrylamide 0.81 g
- เติมน้ำกลั่นลงในสารให้ได้ปริมาตรสุดท้ายเท่ากับ 50 ml.

2. วิธีเตรียม 10X Gel buffer

- ชั่ง Tris 8.0 g
- เติมน้ำกลั่นลงในสารให้ได้ปริมาตรสุดท้ายเท่ากับ 200 ml
- ปรับ pH ด้วย Sulfuric acid ให้ได้ pH = 4.5

3. วิธีเตรียม 8.5% Acrylamide gel

- น้ำกลั่น 21.26 ml
- 10X Gel buffer 3.7 ml
- Acrylamide solution 9.3 ml
- 87% Glycerol 2.55 ml
- 10% Ammoniumpersulfate 191.0 μ l
- Tetramethylethylenediamine 14.0 μ l
- ผสมสารทั้งหมดให้เข้ากันโดยใช้ Stirrer plate นาน 1 นาที ไม่ควรใช้ความแรงในการหมุนมากเกินไป สังเกตโดยไม่ให้เกิดฟองอากาศในส่วนผสม

- เทลงในชุดกระจกสำหรับเตรียมเจล ที่ใช้เวลาประมาณ 2 ชั่วโมงจึงสามารถใช้ในการแยกแอมป์ดีเอ็นเอได้

4. วิธีเตรียม 2.5X Running buffer (Stock solution)

- Tris 54.0 g
- EDTA 3.73 g
- Boric acid 27.5 g
- เติมน้ำกลั่นลงในสารให้ได้ปริมาตรสุดท้ายเท่ากับ 2000.0 ml

Working Solution (เตรียม 1000 ml)

- Running buffer (Stock solution) 400 ml
- น้ำกลั่น 600 ml

5. วิธีแยกแถบดีเอ็นเอ

- ใช้กระแสไฟฟ้า 90 volt นาน 16.30 ชั่วโมง
- ทำการย้อมเจลด้วย Silver Staining เพื่อให้เห็นแถบดีเอ็นเอ

6. วิธีเตรียม loading dye (0.04 g/ml)

- Bromphenol blue sodium salt 0.04 g
- Glycerol 500 μ l
- น้ำกลั่น 500 μ l

ขั้นตอนการย้อมเจลด้วย **Silver Staining** (Budowle *et al.* 1991)

1. เติม 1% Nitric acid (3 ml 65% Nitric acid + น้ำกลั่นให้ได้ปริมาตรสุดท้ายเท่ากับ 200 ml) เขย่านาน 10 นาที แล้วเททิ้ง
2. ล้างเจลด้วยน้ำกลั่นนาน 5-10 วินาที แล้วเททิ้ง 2 ครั้ง
3. เติม 0.012M Silver nitrate solution (0.4 g Silver nitrate + น้ำกลั่นให้ได้ปริมาตรสุดท้ายเท่ากับ 200 ml) เขย่านาน 35 นาที แล้วเททิ้ง
4. ล้างเจลด้วยน้ำกลั่นนาน 5-10 วินาที แล้วเททิ้ง 2 ครั้ง
5. เติม 0.28M Sodium carbonate และ 0.019% Formalin (11.8 g Sodium carbonate + น้ำกลั่น 390 ml แล้วเติม 37% Formalin 205 μ l) ลงไปประมาณ 50 ml เมื่อสีของสารละลายเปลี่ยนเป็นสีน้ำตาลให้เททิ้งและเติมส่วนที่เหลือลงไป เขย่านานเห็นแถบดีเอ็นเอบนเจลชัดเจน แล้วเททิ้ง
6. หยดปฏิกิริยาด้วย 10% Glacial acetic acid (20 ml 100% Glacial acetic acid + น้ำกลั่น 180 ml) เขย่านาน 5 นาที
7. ล้างด้วยน้ำกลั่นประมาณ 200 ml นาน 1 นาที 3 ครั้ง หรือจนหมดกลิ่นของ Glacial acetic acid
8. นำไปทำให้แห้งด้วยเครื่องอบแห้งเจล (Gel dryer)

การตกตะกอน **PCR product** ด้วย **Isopropanol**

1. เติม 4M Ammonium acetate 20 μ l และ 100% Isopropanol 40 μ l ลงใน PCR product 20 μ l
2. ผสมด้วยเครื่องเขย่าวน (Vortex) 5 ครั้ง แล้วทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้องนาน 20 นาที
3. นำไปปั่นเหวี่ยงด้วยความเร็ว 16,400 rpm ที่อุณหภูมิ 20 °C นาน 15 นาที

4. ดูดซับน้ำชั้นบน (Supernatant) ที่ทั้งหมดเหลือไว้แต่ตะกอนที่ก้นหลอด
5. เติม 70% Ethanol ปริมาณ 90 μ l เพื่อล้าง DNA product
6. นำไปปั่นเหวี่ยงด้วยความเร็ว 16,400 rpm ที่อุณหภูมิ 20 °C นาน 5 นาที
7. ดูดซับน้ำชั้นบนที่ทั้งหมดเหลือไว้แต่ตะกอนที่ก้นหลอด
8. เปิดฝาที่ไว้ที่อุณหภูมิห้องนาน 1 ชั่วโมง ในที่มืดให้แห้งสนิท
9. ละลาย DNA product ด้วย 10 mM Tris UV pH 8.5 ปริมาณ 20 μ l
10. ทิ้งไว้ที่อุณหภูมิห้องนาน 15 นาที จากนั้นนำไปเขย่าวนด้วย Vortex
11. ดูด DNA product ที่ได้ลงในหลอดใหม่ประมาณ 5 μ l แล้วนำไปทำ Agarose electrophoresis

ขั้นตอนการทำ Agarose electrophoresis

1. เตรียม 2% Agarose gel โดยมีวิธีเตรียมดังนี้
 - ชั่ง Agarose powder 0.8 g
 - ละลายใน 0.5X TBE (Tris-borate, EDTA) Buffer ให้ได้ปริมาตรสุดท้ายเท่ากับ 40 ml
 - ต้มที่ 60 °C จนสารละลายใสเป็นเนื้อเดียวกัน
 - เทใส่แม่พิมพ์ ทิ้งไว้ให้แห้ง
2. เตรียมเครื่อง Agarose electrophoresis โดยปรับเครื่อง ดังนี้ 50 mA, 100V, นาน 20 นาที
3. ใส่ 2% Agarose gel ที่เตรียมเอาไว้ลงในเครื่อง แล้วเติม 0.5X TBE Buffer ให้ท่วมเจลพอดี
4. เตรียม DNA product ที่จะ load โดยใส่สารละลาย loading dye ปริมาณ 1 μ l ลงใน DNA product ปริมาณ 5 μ l
5. load DNA product ที่เตรียมไว้ลงไปบนเจล แล้วเปิดเครื่อง Agarose electrophoresis
6. เมื่อครบเวลานำแผ่นเจลมาแช่ในสารละลาย Ethidium bromide ที่เตรียมไว้ นาน 10 นาที
 - วิธีเตรียมสารละลาย Ethidium bromide
 - Ethidium bromide 10 μ l
 - 0.5X TBE (Tris-borate, EDTA) Buffer 200 ml
 - เขย่าให้เข้ากัน แล้วเก็บไว้ในที่มืด (ระวังอย่าให้ถูกผิวหนังโดยตรง เนื่องจาก Ethidium bromide เป็นสารก่อมะเร็ง)
7. เมื่อครบเวลานำแผ่นเจลมาส่องดูความเข้มของแถบดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Ultraviolet-visible

การตกตะกอน PCR product ด้วย 100% Ethanol

1. เติม 0.5M Sodium acetate 24 μ l และ 100% Ethanol 50 μ l ลงใน PCR product 20 μ l
2. ผสมด้วยเครื่องเขย่าวน แล้วทิ้งไว้ในที่มืดที่อุณหภูมิห้องนาน 20 นาที
3. นำไปปั่นเหวี่ยงด้วยความเร็ว 16,400 rpm ที่อุณหภูมิ 20 °C นาน 30 นาที
4. ดูดซับน้ำชั้นบน (Supernatant) ที่ทั้งหมดเหลือไว้แต่ตะกอนที่ก้นหลอด
5. เติม 70% Ethanol ปริมาณ 80 μ l
6. นำไปปั่นเหวี่ยงด้วยความเร็ว 16,400 rpm ที่อุณหภูมิ 20 °C นาน 5 นาที
7. ดูดซับน้ำชั้นบนที่ทั้งหมดเหลือไว้แต่ตะกอนที่ก้นหลอด
8. เปิดฝาทิ้งไว้ในที่มืดที่อุณหภูมิห้องนาน 1 ชั่วโมง ให้แห้งสนิท
9. เติมสารละลาย Hidi (formamide) 17 μ l ลงในตะกอนดีเอ็นเอที่แห้งสนิทแล้ว

การเตรียมสารละลายในกระบวนการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ

1. การเตรียม 10X Taq Buffer

- 500 mM Tris pH 8.4	20.0	ml
- 2 M KCl	12.5	ml
- 150 mM MgCl ₂	5.0	ml
- 1 mg/ml BSA	5.0	ml
- 100% Tween 20	0.25	ml
- เติมน้ำให้ครบ	50.0	ml

2. การเตรียม 1 mM Solution of dNTPs

- 100 mM dATP	10.0	μ l
- 100 mM dCTP	10.0	μ l
- 100 mM dGTP	10.0	μ l
- 100 mM dTTP	10.0	μ l
- H ₂ O	960.0	μ l

- ผสมให้เข้ากันจะได้สารละลายที่มีปริมาตรรวมเท่ากับ 1000.0 μ l

ภาคผนวก ข

การคำนวณค่ากำลังการแยกแยะ การคำนวณค่ากำลังการคัดออก ค่า heterozygosity การทดสอบ
สมมติฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก และการทดสอบการกระจายตัวของความถี่อัลลีล

1. วิธีการคำนวณค่ากำลังการแยกแยะ

- การคำนวณค่ากำลังการแยกแยะคิดได้จากสูตรดังนี้

$$\text{Power of discrimination (PD female)} = 1 - \sum P_i^2$$

เมื่อ P_i คือ ค่าความถี่ของ Genotype

- การคำนวณค่ากำลังการแยกแยะของผู้ชาย (PD male) คิดได้จากสูตรดังนี้

$$\text{Power of discrimination (PD male)} = 1 - \sum P_i^2$$

เมื่อ P_i คือ ค่าความถี่ของแต่ละอัลลีล (Szibor *et al.*, 2003)

ได้ผลการคำนวณตามตารางดังนี้

ตาราง 9 แสดงสูตรการคำนวณและค่าที่ได้จากการคำนวณกำลังการแยกแยะในผู้หญิงและผู้ชาย
ของ ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียไลท์บนโครโมโซมเพศหญิงในตำแหน่ง DXS7132

Power of discrimination (PD female) = $1 - \sum P_i^2$					
	Genotype	number	P_i	P_i^2	$1 - \sum P_i^2$
	11/14	1	0.0083	0.00006889	
	12/12	2	0.0167	0.00027889	
	12/13	5	0.0417	0.00173889	
	12/14	9	0.075	0.005625	
	12/15	3	0.025	0.000625	
	12/16	2	0.0167	0.00027889	
	13/13	4	0.0333	0.00110889	
	13/14	21	0.175	0.030625	
	13/15	16	0.1333	0.01776889	
	13/16	4	0.0333	0.00110889	
	14/14	16	0.1333	0.01776889	
	14/15	18	0.15	0.0225	
	14/16	7	0.0583	0.00339889	

ตาราง 9 (ต่อ)

Power of discrimination (PD female) = $1 - \sum P_i^2$					
	Genotype	number	P_i	P_i^2	$1 - \sum P_i^2$
	14/17	1	0.0083	0.00006889	
	15/15	5	0.0417	0.00173889	
	15/16	4	0.0333	0.00110889	
	16/16	2	0.0167	0.00027889	
Sum	17	120	0.9999	0.10609057	0.89390943
Power of discrimination (PD female) = $1 - \sum P_i^2$ = $1 - 0.10609057$ = 0.8939					
Power of discrimination (PD male) = $1 - \sum P_i^2$					
allele	P_i	P_i^2	$1 - \sum P_i^2$		
11	0.0042	0.00001764			
12	0.0958	0.00917764			
13	0.225	0.050625			
14	0.3708	0.13749264			
15	0.2125	0.04515625			
16	0.0875	0.00765625			
17	0.0042	0.00001764			
SUM	1	0.25014306	0.749857		

2. วิธีการคำนวณค่ากำลังการคัดออก

- การคำนวณค่ากำลังการคัดออกในกรณี no parent คิดได้จากสูตรดังนี้

$$\text{Power of exclusion (no parent)} = \sum_{i=1}^n p_i^2 (1 - p_i)^2 + \sum_{i,j < j}^n 2p_i p_j (1 - p_i - p_j)^2$$

เมื่อ n = จำนวนอัลลีลที่มีในระบบซึ่งมีอัลลีล a, b, ... i, j, ... l, n และ

$P_a, P_b, \dots, P_i, P_j, \dots, P_l, P_n$ คือ ค่าความถี่ของอัลลีลต่างๆในระบบดังกล่าว

ได้ผลการคำนวณตามตารางดังนี้ (Grabar *et al.*, 1983)

ลิขสิทธิ์สงวนลิขสิทธิ์โดย Chiang Mai University
All rights reserved

ตาราง 10 แสดงสูตรการคำนวณและค่าที่ได้จากการคำนวณกำลังการคัดออกกรณี no parent ใน ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลต์บนโครโมโซมเพศหญิงในตำแหน่ง DXS7132

Power of exclusion (no parent) = $\sum_{i=1}^n p_i^2(1-p_i)^2 + \sum_{i,j<j}^n 2p_i p_j(1-p_i-p_j)^2$					
$\sum_{i=1}^n p_i^2(1-p_i)^2$					
	allele	P _i	P _i ²	(1-P _i) ²	P _i ² (1-P _i) ²
	14	0.3708	0.13749264	0.39589264	0.054432324
	13	0.225	0.050625	0.600625	0.030406641
	15	0.2125	0.04515625	0.62015625	0.028003931
	12	0.0958	0.00917764	0.81757764	0.007503433
	16	0.0875	0.00765625	0.83265625	0.006375024
	17	0.0042	0.00001764	0.99161764	1.74921x10 ⁻⁵
	11	0.0042	0.00001764	0.99161764	1.74921x10 ⁻⁵
Sum	7	1	0.25014306	5.25014306	0.126756337
$\sum_{i=1}^n p_i^2(1-p_i)^2 = 0.126756337$					
Power of exclusion (no parent) = $\sum_{i=1}^n p_i^2(1-p_i)^2 + \sum_{i,j<j}^n 2p_i p_j(1-p_i-p_j)^2$					
$\sum_{i,j<j}^n 2p_i p_j(1-p_i-p_j)^2$					
Genotype 14					
	P _i	P _j	2(P _i P _j)	(1-P _i -P _j) ²	2P _i P _j (1-P _i -P _j) ²
	0.3708	0.225	0.16686	0.16337764	0.027261193
	0.3708	0.2125	0.15759	0.17363889	0.027363753
	0.3708	0.0958	0.07104528	0.28451556	0.020213488
	0.3708	0.0875	0.06489	0.29343889	0.01904125
	0.3708	0.0042	0.00311472	0.390625	0.001216688
	0.3708	0.0042	0.00311472	0.390625	0.001216688
Sum					0.096313058
Genotype 13					
	P _i	P _j	2(P _i P _j)	(1-P _i -P _j) ²	2P _i P _j (1-P _i -P _j) ²
	0.225	0.2125	0.095625	0.31640625	0.030256348
	0.225	0.0958	0.04311	0.46131264	0.019887188
	0.225	0.0875	0.039375	0.47265625	0.01861084
	0.225	0.0042	0.00189	0.59413264	0.001122911
	0.225	0.0042	0.00189	0.59413264	0.001122911
Sum					0.071000197

ตาราง 10 (ต่อ)

Power of exclusion (no parent) = $\sum_{i=1}^n p_i^2(1-p_i)^2 + \sum_{i,j < j}^n 2p_i p_j(1-p_i-p_j)^2$					
$\sum_{i,j < j}^n 2p_i p_j(1-p_i-p_j)^2$					
Genotype 15					
	P_i	P_j	2(P_iP_j)	(1-P_i-P_j)²	2P_iP_j(1-P_i-P_j)²
	0.2125	0.0958	0.040715	0.47844889	0.019480047
	0.2125	0.0875	0.0371875	0.49	0.018221875
	0.2125	0.0042	0.001785	0.61355889	0.001095203
	0.2125	0.0042	0.001785	0.61355889	0.001095203
Sum					0.039892327
Genotype 12					
	P_i	P_j	2(P_iP_j)	(1-P_i-P_j)²	2P_iP_j(1-P_i-P_j)²
	0.0958	0.0875	0.016765	0.66699889	0.011182236
	0.0958	0.0042	0.00080472	0.81	0.000651823
	0.0958	0.0042	0.00080472	0.81	0.000651823
Sum					0.012485883
Genotype 16					
	P_i	P_j	2(P_iP_j)	(1-P_i-P_j)²	2P_iP_j(1-P_i-P_j)²
	0.0875	0.0042	0.000735	0.82500889	0.000606382
	0.0875	0.0042	0.000735	0.82500889	0.000606382
Sum					0.001212763
Genotype 17					
	P_i	P_j	2(P_iP_j)	(1-P_i-P_j)²	2P_iP_j(1-P_i-P_j)²
	0.0042	0.0042	0.00003528	0.98327056	3.46898 x10 ⁻⁵
Sum					3.46898 x10⁻⁵
$\sum_{i,j < j}^n 2p_i p_j(1-p_i-p_j)^2 = 0.220939$					
Power of exclusion (no parent) = $\sum_{i=1}^n p_i^2(1-p_i)^2 + \sum_{i,j < j}^n 2p_i p_j(1-p_i-p_j)^2$ = 0.126756337 + 0.220939 = 0.347695					

- การคำนวณค่ากำลังการคัดออกในกรณี one parent คิดได้จากสูตรดังนี้

$$\text{Power of exclusion (one parent)} = \sum_{i=1}^n p_i(1-p_i)^2 + \sum_{i,j < j}^n (p_i p_j)^2(3p_i + 3p_j - 4)$$

เมื่อ n = จำนวนอัลลีลที่มีในระบบซึ่งมีอัลลีล a,b,...i,j,...l,n และ

$P_a, P_b \dots P_i, P_j \dots P_l, P_n$ คือ ค่าความถี่ของอัลลีลต่างๆในระบบดังกล่าว

ได้ผลการคำนวณตามตารางดังนี้ (Jamieson, 1965)

ตาราง 11 แสดงสูตรการคำนวณและค่าที่ได้จากการคำนวณกำลังการคัดออกกรณี one parent ใน ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลต์บนโครโมโซมเพศหญิงในตำแหน่ง DXS7132

Power of exclusion (one parent) = $\sum_{i=1}^n p_i(1-p_i)^2 + \sum_{i,j < j} (p_i p_j)^2 (3p_i + 3p_j - 4)$					
$\sum_{i=1}^n p_i(1-p_i)^2$					
	allele	P_i	(1-P_i)²	P_i(1-P_i)²	
	14	0.3708	0.3958926	0.146796991	
	13	0.225	0.600625	0.135140625	
	15	0.2125	0.6201563	0.131783203	
	12	0.0958	0.8175776	0.078323938	
	16	0.0875	0.8326563	0.072857422	
	17	0.0042	0.9916176	0.004164794	
	11	0.0042	0.9916176	0.004164794	
Sum	7	1	5.2501431	0.573231767	
$\sum_{i=1}^n p_i(1-p_i)^2 = 0.573231767$					
Power of exclusion (one parent) = $\sum_{i=1}^n p_i(1-p_i)^2 + \sum_{i,j < j} (p_i p_j)^2 (3p_i + 3p_j - 4)$					
$\sum_{i,j < j} (p_i p_j)^2 (3p_i + 3p_j - 4)$					
Genotype 14					
	P_i	P_j	(P_iP_j)²	(3P_i+3P_j-4)	(P_iP_j)²(3P_i+3P_j-4)
	0.3708	0.225	0.0069606	-2.2126	-0.015400946
	0.3708	0.2125	0.0062087	-2.2501	-0.013970088
	0.3708	0.0958	0.0012619	-2.6002	-0.003281083
	0.3708	0.0875	0.0010527	-2.6251	-0.002763385
	0.3708	0.0042	2.425 x10 ⁻⁶	-2.875	-6.97294 x10 ⁻⁶
	0.3708	0.0042	2.425 x10 ⁻⁶	-2.875	-6.97294 x10 ⁻⁶
Sum					-0.035429448
Genotype 13					
	P_i	P_j	(P_iP_j)²	(3P_i+3P_j-4)	(P_iP_j)²(3P_i+3P_j-4)
	0.225	0.2125	0.002286	-2.6875	-0.006143719
	0.225	0.0958	0.0004646	-3.0376	-0.001411324
	0.225	0.0875	0.0003876	-3.0625	-0.001187018
	0.225	0.0042	8.93 x10 ⁻⁷	-3.3124	-2.95806 x10 ⁻⁶
	0.225	0.0042	8.93 x10 ⁻⁷	-3.3124	-2.95806 x10 ⁻⁶
Sum					-0.008747977

ตาราง 11 (ต่อ)

Power of exclusion (one parent) = $\sum_{i=1}^n p_i(1-p_i)^2 + \sum_{i,j < j}^n (p_i p_j)^2 (3p_i + 3p_j - 4)$					
$\sum_{i,j < j}^n (p_i p_j)^2 (3p_i + 3p_j - 4)$					
Genotype 15					
	P_i	P_j	(P_iP_j)²	(3P_i+3P_j-4)	(P_iP_j)²(3P_i+3P_j-4)
	0.2125	0.0958	0.0004144	-3.0751	-0.001274407
	0.2125	0.0875	0.0003457	-3.1	-0.001071755
	0.2125	0.0042	7.966 x10 ⁻⁷	-3.3499	-2.66838 x10 ⁻⁶
	0.2125	0.0042	7.966 x10 ⁻⁷	-3.3499	-2.66838 x10 ⁻⁶
Sum					-0.002351499
Genotype 12					
	P_i	P_j	(P_iP_j)²	(3P_i+3P_j-4)	(P_iP_j)²(3P_i+3P_j-4)
	0.0958	0.0875	7.027 x10 ⁻⁵	-3.4501	-0.000242426
	0.0958	0.0042	1.619 x10 ⁻⁷	-3.7	-5.99006 x10 ⁻⁷
	0.0958	0.0042	1.619 x10 ⁻⁷	-3.7	-5.99006 x10 ⁻⁷
Sum					-0.000243624
Genotype 16					
	P_i	P_j	(P_iP_j)²	(3P_i+3P_j-4)	(P_iP_j)²(3P_i+3P_j-4)
	0.0875	0.0042	1.351 x10 ⁻⁷	-3.7249	-5.03071 x10 ⁻⁷
	0.0875	0.0042	1.351 x10 ⁻⁷	-3.7249	-5.03071 x10 ⁻⁷
Sum					-1.00614 x10⁻⁶
Genotype 17					
	P_i	P_j	(P_iP_j)²	(3P_i+3P_j-4)	(P_iP_j)²(3P_i+3P_j-4)
	0.0042	0.0042	3.112 x10 ⁻¹⁰	-3.9748	-1.23684 x10 ⁻⁹
Sum					-1.23684 x10⁻⁹
$\sum_{i,j < j}^n 2p_i p_j (1-p_i-p_j)^2 = -0.04677$					
Power of exclusion (one parent) = $\sum_{i=1}^n p_i(1-p_i)^2 + \sum_{i,j < j}^n (p_i p_j)^2 (3p_i + 3p_j - 4)$					
= 0.573231767 + (-0.04677)					
= 0.526461767					

3. วิธีการคำนวณ heterozygosity (h)

การคำนวณค่า heterozygosity คำนวณได้จากสูตรดังนี้

$$\text{heterozygosity} = n(1 - \sum p_i^2) / (n-1)$$

$$(\text{S.E.}) = \sqrt{[h(1-h) / N]}$$

เมื่อ p_i = ความถี่ของแต่ละอัลลีล

n = จำนวนอัลลีลที่ทำการสำรวจ

h = ค่า heterozygosity ที่คาดหวัง

N = จำนวนกลุ่มตัวอย่าง

ได้ผลการคำนวณตามตารางดังนี้

ตาราง 12 แสดงสูตรการคำนวณและค่าที่ได้จากการคำนวณ heterozygosity ในดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียของปลาเทโพในตำแหน่ง DXS7132

heterozygosity = $n(1 - \sum p_i^2) / (n-1)$							
	allele	p_i	p_i^2	$1 - \sum p_i^2$	$n-1$	$n(1 - \sum p_i^2)$	h
	11	0.0042	1.764×10^{-5}				
	12	0.0958	9.178×10^{-3}				
	13	0.225	5.063×10^{-2}				
	14	0.3708	0.1374926				
	15	0.2125	0.0451563				
	16	0.0875	0.0076562				
	17	0.0042	1.764×10^{-5}				
Sum	7	1	0.250148	0.74985	239	179.964	0.752987
heterozygosity = 0.752994417 (S.E.) = 0.0394							

4. วิธีการทดสอบสมมติฐานฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg equilibrium)

การทดสอบความสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก มีวิธีคิดดังนี้

สมมติฐาน

H_0 : ไม่มีความแตกต่างระหว่างจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่สังเกตได้กับจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่คาดหวัง

H_1 : จำนวนลักษณะพันธุกรรมที่สังเกตได้กับจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่คาดหวังแตกต่างกัน

ตาราง 13 แสดงการทดสอบการกระจายตัวของลักษณะพันธุกรรมตามสมมูลของ Hardy-Weinberg

Genotype	จำนวน (O)	จำนวน (E)	$\chi^2 = (O-E)^2/E$
11/11	0	0.0021168	0.0021168
11/12	0	0.0965664	0.0965664
11/13	0	0.2268	0.2268
11/14	1	0.3737664	1.049234286
11/15	0	0.2142	0.2142
11/16	0	0.0882	0.0882
11/17	0	0.0042336	0.0042336
12/12	2	1.1013168	0.733332583
12/13	5	5.1732	0.005798778
12/14	9	8.5254336	0.026416635
12/15	3	4.8858	0.727872946
12/16	2	2.0118	6.92117E-05
12/17	0	0.0965664	0.0965664
13/13	4	6.075	0.708744856
13/14	21	20.0232	0.047651636
13/15	16	11.475	1.784368192
13/16	4	4.725	0.111243386
13/17	0	0.2268	0.2268
14/14	16	16.499117	0.015098843
14/15	18	18.9108	0.043866819
14/16	7	7.7868	0.079500467
14/17	1	0.3737664	1.049234286
15/15	5	5.41875	0.03236015
15/16	4	4.4625	0.047934174
15/17	0	0.2142	0.2142
16/16	2	0.91875	1.272491497
16/17	0	0.0882	0.0882
17/17	0	0.0021168	0.0021168
SUM	120	120	8.995218746

หาเขตวิกฤต ที่ $d.f = K-1 = 28-1 = 27$ ระดับนัยสำคัญเท่ากับ 0.05 โดยจะปฏิเสธ H_0 ก็ต่อเมื่อค่าที่ได้จากการคำนวณมากกว่าค่าเขตวิกฤต

เมื่อเปิดตารางจะได้ $\chi^2 = 40.113$

ค่าจากการคำนวณได้ $\chi^2 = 8.995$

ผลการทดสอบ พบว่าจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่ได้จากการสังเกต (n_{observe}) และจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่คาดหวัง (n_{expect}) ไม่มีความแตกต่างกัน หรือกล่าวได้ว่าจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่สังเกตมีการกระจายตัวเป็นไปตามกฎความสมดุลของ Hardy-Weinberg

5. วิธีการทดสอบการกระจายตัวของความถี่อัลลีล

ในการทดสอบการกระจายตัวของความถี่อัลลีลว่า จะใช้การทดสอบความกลมกลืนกัน (Test for Goodness of Fit) เนื่องจากการทดสอบนี้เป็นการทดสอบว่าข้อมูลจากประชากรที่นำมาวิเคราะห์มีลักษณะใด เช่น เป็นการแจกแจงปัวซอง (Poisson distribution) การแจกแจงทวินาม (Binomial distribution) หรือเป็นการแจกแจงปกติ (Normal distribution) เป็นต้น (กานดา, 2530) โดยมีวิธีทดสอบดังแสดงต่อไปนี้

1. ตั้งสมมติฐาน

H_0 : การแจกแจงของความถี่อัลลีลบนดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง DXS7132 เป็นปกติ

H_1 : การแจกแจงของความถี่อัลลีลบนดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง DXS7132 ไม่เป็นปกติ

2. สถิติที่ใช้ในการทดสอบ

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^k \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i}$$

เมื่อ O_i คือ ความถี่ที่ได้จากการสังเกตหรือการปฏิบัติจริง

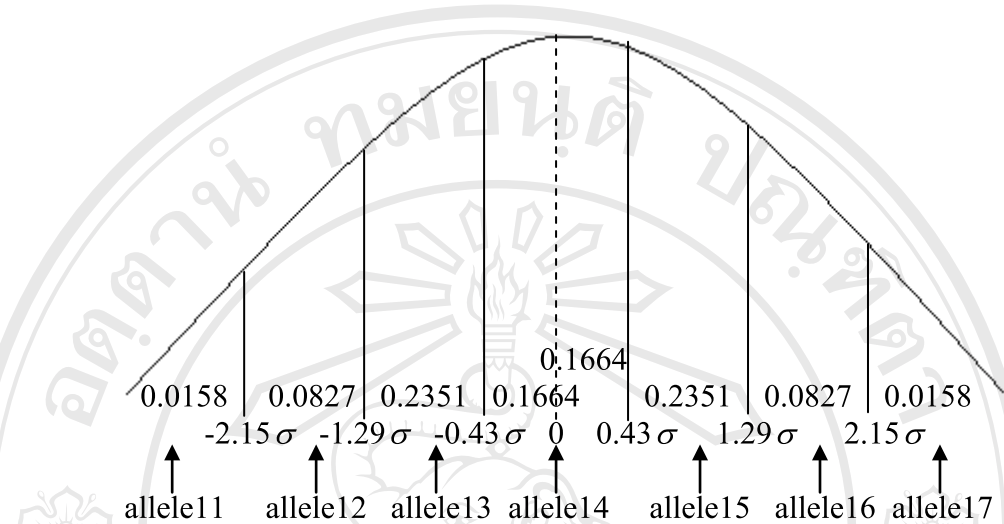
E_i คือ ความถี่ตามทฤษฎีหรือความถี่ที่ควรจะเป็น

คำนวณค่าความถี่ที่คาดหวังดังนี้

- เนื่องจากมีจำนวนอัลลีลทั้งหมด 7 อัลลีล จึงแบ่งฐาน โคน์ปกติออกเป็น 7 ช่วง

ดังนั้นแต่ละช่วงมีระยะ $\frac{6\sigma}{7} = 0.86\sigma$

- หาพื้นที่ใต้โค้งปกติในแต่ละช่วง โดยอาศัยตารางพื้นที่ใต้โค้งปกติ จะได้ค่าดังนี้



ภาพ 6 แสดงการแบ่งช่วงฐานโค้งปกติและค่าพื้นที่ใต้โค้งปกติที่เปิดจากตาราง

- หาค่าความถี่ที่คาดหวังในแต่ละช่วงจากสูตร

$$E = np$$

เมื่อ

p คือ พื้นที่ใต้โค้งปกติในแต่ละช่วงที่แบ่งไว้

n คือ จำนวนข้อมูล (n = 120 คน , 240 allele)

$$E \text{ ของ allele11} = 240 \times 0.0158 = 3.792$$

$$E \text{ ของ allele12} = 240 \times 0.0827 = 19.848$$

$$E \text{ ของ allele13} = 240 \times 0.2351 = 56.424$$

$$E \text{ ของ allele14} = 240 \times 0.3328 = 79.872$$

$$E \text{ ของ allele15} = 240 \times 0.2351 = 56.424$$

$$E \text{ ของ allele16} = 240 \times 0.0827 = 19.848$$

$$E \text{ ของ allele17} = 240 \times 0.0158 = 3.792$$

ดังนั้นสามารถสรุปความถี่ของอัลลีลต่างๆดังตารางต่อไปนี้

ตาราง 14 แสดงค่าความถี่ที่ได้จากการสังเกต (O) และความถี่ที่คาดหวัง (E)

Allele	ความถี่ที่สังเกตได้ (O)	ความถี่ที่คาดหวัง (E)
11	1	3.792
12	23	19.848
13	54	56.424
14	89	79.872
15	51	56.424
16	21	19.848
17	1	3.792

- คำนวณค่า

χ^2 จากสูตร

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^k \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i}$$

$$\chi^2 = \frac{(1 - 3.792)^2}{3.792} + \frac{(23 - 19.848)^2}{19.848} + \dots + \frac{(1 - 3.792)^2}{3.792}$$

$$\chi^2 = (2.0557) + (0.5006) + \dots + (2.0557)$$

$$\chi^2 = 6.3476$$

3. กำหนดระดับนัยสำคัญ

หาเขตวิกฤต ที่ $d.f = (7-1) = 6$ ที่ระดับนัยสำคัญเท่ากับ 0.05 โดยจะปฏิเสธ H_0 ก็ต่อเมื่อค่าที่ได้จากการคำนวณมากกว่าค่าเขตวิกฤต (ค่าที่เปิดจากราย)

จากการเปิดตารางการแจกแจงไคสแควร์ ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05 และมี $d.f. = 6$ พบว่าได้ค่า $\chi^2_{0.05(6)} = 12.592$

4. พิจารณาขอบเขตวิกฤต

ผลการทดสอบ พบว่าค่าที่คำนวณได้ ($\chi^2 = 6.3476$) น้อยกว่าค่าเขตวิกฤตที่เปิดจากรายไคสแควร์ ($\chi^2_{0.05(6)} = 12.592$) จึงสรุปได้ว่าไม่ปฏิเสธ H_0 นั่นคือ การแจกแจงของความถี่อัลลีลบนดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง DXS7132 เป็นปกติ

ภาคผนวก ค

การคำนวณค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นของการตรวจพิสูจน์ตามลักษณะการถ่ายทอดโครโมโซมแบบ

Single allele และ Female sibling

การคำนวณค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นของการตรวจพิสูจน์ในลักษณะการถ่ายทอดโครโมโซมแบบ
Single allele

1. พ่อ – ลูกสาว

1.1 กรณีลูกสาวมีลักษณะดีเอ็นเอในตำแหน่งนั้นเป็น heterozygous

พ่อ (XY)	ลูกสาว (XX)	
A/-	A/B	
โอกาสที่พ่อจะให้อัลลีล A		$= \frac{X}{Y}$
โอกาสที่ชายทั่วไปจะให้อัลลีล A		Y

กรณีนี้ไม่สามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลของลูกสาวอันไหนมาจากแม่ และอันไหนมาจากพ่อ ในขั้นตอนแรกจึงต้องกำหนดลักษณะทางพันธุกรรมของแม่เด็กที่อาจเป็นไปได้ก่อนแล้วจึงค่อยหาโอกาสที่พ่อจะถ่ายทอดยีนหนึ่งใดแล้วทำให้เด็กมีลักษณะดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น A/B (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในชายทั่วไป (Y) วิธีการโดยละเอียดทำได้ดังนี้

จำแนกลักษณะพันธุกรรมของแม่เด็ก ที่อาจจะเป็นไปได้ดังนี้

A/A, A/C, A/B, B/C, B/B, โดย C เท่ากับอัลลีลอื่นๆในระบบนี้ที่ไม่ใช่ A หรือ B หาโอกาสที่แม่จะมีลักษณะทางพันธุกรรมในแต่ละแบบข้างต้น โดยคำนวณจากความถี่ของอัลลีลต่างๆในระบบดังกล่าว

โอกาสที่จะเป็น A/A = $(F_A)^2$ โดย F_A = ค่าความถี่ของอัลลีล A

โอกาสที่จะเป็น A/C = $2F_A(1-F_A-F_B)$ โดย F_B = ค่าความถี่ของอัลลีล B

โอกาสที่จะเป็น A/B = $2F_A F_B$

โอกาสที่จะเป็น B/C = $2F_B(1-F_A-F_B)$

โอกาสที่จะเป็น B/B = $(F_B)^2$

ค่า X หาได้ดังนี้

ตาราง 15 แสดงการคำนวณโอกาสการถ่ายทอดลักษณะพันธุกรรมแบบต่างๆของแม่เทียบกับพ่อ

ลักษณะพันธุกรรมของแม่เป็น		โอกาสที่พ่อจะถ่ายทอดอัลลีลนั้น		โอกาสที่เป็นเช่นนั้น
A/A จะถ่ายทอด				
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
A	1	B	0	$1 \times 0 \times (F_A)^2 = 0$
ลักษณะพันธุกรรมของแม่เป็น				
A/C จะถ่ายทอด				
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
A	0.5	B	0	$0.5 \times 0 \times 2F_A(1-F_A-F_B) = 0$
ลักษณะพันธุกรรมของแม่เป็น				
A/B จะถ่ายทอด				
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
A	0.5	B	0	$0.5 \times 0 \times 2F_A F_B = 0$
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
B	0.5	A	1	$0.5 \times 1 \times 2F_A F_B$
ลักษณะพันธุกรรมของแม่เป็น				
B/C จะถ่ายทอด				
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
B	0.5	A	1	$0.5 \times 1 \times 2F_B(1-F_A-F_B)$
ลักษณะพันธุกรรมของแม่เป็น				
B/B จะถ่ายทอด				
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
B	1	A	1	$1 \times 1 \times (F_B)^2$

$$\text{รวมค่า } X = F_A F_B + F_B(1-F_A-F_B) + (F_B)^2 \\ = F_B$$

คือค่าความถี่ของอัลลีล B

ค่า Y หาได้ดังนี้

ตาราง 16 แสดงการคำนวณโอกาสการถ่ายทอดลักษณะพันธุกรรมแบบต่างๆของแม่เทียบกับชายทั่วไป

ลักษณะพันธุกรรมของแม่เป็น A/A จะถ่ายทอด		โอกาสที่ชายทั่วไปจะถ่ายทอดอัลลีลนั้น		โอกาสที่เป็นเช่นนั้น
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
A	1	B	F_B	$1 \times F_B \times (F_A)^2$
ลักษณะพันธุกรรมของแม่เป็น A/C จะถ่ายทอด				
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
A	0.5	B	F_B	$0.5 \times F_B \times 2F_A(1-F_A-F_B)$
ลักษณะพันธุกรรมของแม่เป็น A/B จะถ่ายทอด				
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
A	0.5	B	F_B	$0.5 \times F_B \times 2F_A F_B$
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
B	0.5	A	F_A	$0.5 \times F_A \times 2F_A F_B$
ลักษณะพันธุกรรมของแม่เป็น B/C จะถ่ายทอด				
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
B	0.5	A	F_A	$0.5 \times F_A \times 2F_B(1-F_A-F_B)$
ลักษณะพันธุกรรมของแม่เป็น B/B จะถ่ายทอด				
อัลลีล	โอกาส	อัลลีล	โอกาส	
B	1	A	F_A	$1 \times F_A \times (F_B)^2$

$$\begin{aligned} \text{รวมค่า } Y &= F_B(F_A)^2 + F_A F_B(1-F_A-F_B) + F_A(F_B)^2 + (F_A)^2 F_B + F_A F_B(1-F_A-F_B) + F_A(F_B)^2 \\ &= 2F_A F_B \end{aligned}$$

$$\text{ดังนั้น ค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นของการตรวจพิสูจน์ในกรณีนี้} = \frac{F_B}{2F_A F_B} = \frac{1}{2F_A}$$

1.2 กรณีลูกสาวมีลักษณะดีเอ็นเอในตำแหน่งนั้นเป็น homozygous

พ่อ (XY)	ลูกสาว (XX)	
A/-	A/A	
โอกาสที่พ่อจะให้อัลลีล A		= X
โอกาสที่ชายทั่วไปจะให้อัลลีล A		Y

กรณีนี้ สามารถกำหนดได้ว่าลูกสาวได้อัลลีลอันไหนมาจากพ่อ และอัลลีลอันไหนจากแม่ เนื่องจากอัลลีลทั้งสองของลูกสาวเหมือนกัน คือ อัลลีล A การคำนวณหาค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นหาได้จาก โอกาสที่พ่อจะถ่ายทอดยีนหนึ่งใดแล้วทำให้ลูกสาวมีลักษณะของดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น A/A (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในชายทั่วไป (Y)

ค่า X คือ โอกาสที่พ่อจะถ่ายทอดอัลลีล A มีค่าเท่ากับ 1

ค่า Y คือ โอกาสที่ชายทั่วไปจะถ่ายทอดอัลลีล A มีค่าเท่ากับ F_A

ดังนั้น ค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นของการตรวจพิสูจน์ในกรณีนี้ $= \frac{1}{F_A}$

เมื่อ F_A คือ ค่าความถี่ของอัลลีล A

2. แม่ – ลูกชาย

2.1 กรณีแม่มีลักษณะดีเอ็นเอในตำแหน่งนั้นเป็น heterozygous

แม่ (XX)	ลูกชาย (XY)	
A/B	A/-	
โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A		= X
โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A		Y

กรณีนี้ สามารถกำหนดได้ว่าลูกชายได้อัลลีลอันไหนมาจากพ่อ และอัลลีลอันไหนจากแม่ เนื่องจากลูกชายจะได้รับการถ่ายทอดโครโมโซม X มาจากแม่ และโครโมโซม Y จากพ่อ ซึ่งโอกาสที่แม่จะถ่ายทอดโครโมโซม X หนึ่งใดแล้วทำให้ลูกชายมีลักษณะดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น

A/- (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y)

ค่า X คือ โอกาสที่แม่จะถ่ายทอดอัลลีล A มีค่าเท่ากับ 0.5

ค่า Y คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะถ่ายทอดอัลลีล A มีค่าเท่ากับ F_A

ดังนั้น ค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นของการตรวจพิสูจน์ในกรณีนี้ $= \frac{1}{2F_A}$

เมื่อ F_A คือ ค่าความถี่ของอัลลีล A

2.2 กรณีแม่มีลักษณะดีเอ็นเอในตำแหน่งนั้นเป็น homozygous

แม่ (XX)	ลูกชาย (XY)	
A/A	A/-	
โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A		= X
โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A		Y

กรณีนี้ สามารถกำหนดได้ว่าลูกชายได้อัลลีลอันไหนมาจากพ่อ และอัลลีลอันไหนจากแม่ เนื่องจากลูกชายจะได้รับการถ่ายทอดโครโมโซม X มาจากแม่ และโครโมโซม Y จากพ่อ ซึ่งโอกาสที่แม่จะถ่ายทอดโครโมโซม X หนึ่งใดแล้วทำให้ลูกชายมีลักษณะดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น A/- (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y)

ค่า X คือ โอกาสที่พ่อจะถ่ายทอดอัลลีล A มีค่าเท่ากับ 1

ค่า Y คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะถ่ายทอดอัลลีล A มีค่าเท่ากับ F_A

ดังนั้น ค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นของการตรวจพิสูจน์ในกรณีนี้ $= \frac{1}{F_A}$

เมื่อ F_A คือ ค่าความถี่ของอัลลีล A

การคำนวณค่าสัดส่วนความน่าจะเป็นของการตรวจพิสูจน์ในลักษณะการถ่ายทอดโครโมโซมแบบ Female Sibling

1. แม่ – ลูกสาว

1.1 กรณีที่คนทั้งคู่มีลักษณะดีเอ็นเอเป็น heterozygous โดยมี genotype ที่ต่างกัน

แม่ (XX)	ลูกสาว (XX)	
A/B	A/C	
โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A		= X
โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A		Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับ

การตรวจ แต่ไม่สามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลของลูกสาวอันไหนมาจากแม่ และอันไหนมาจากพ่อ ซึ่งโอกาสที่แม่จะถ่ายทอดยีนหนึ่งใดแล้วทำให้ลูกสาวมีลักษณะดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น A/C

(X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y) ทำได้ดังนี้

X คือ โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A แก่ลูกสาวเท่ากับ $1/2$ ซึ่งโอกาสนี้จะรวมถึงโอกาสที่ลูกสาว

อาจจะได้รับอัลลีล A จากพ่อด้วย โดยมีค่าเท่ากับ $1/2$ ดังนั้น โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A

ทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $1/2 \times 1/2 = 1/4$

$$Y \text{ คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A} = f_A$$

$$\text{ดังนั้น} \quad X/Y = 1/4f_A$$

1.2 กรณีคนทั้งคู่มีลักษณะดีเอ็นเอเป็น heterozygous โดยมี genotype ที่เหมือนกัน

แม่ (XX)	ลูกสาว (XX)	
A/B	A/B	
โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A หรือ โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล B		= X
โอกาสที่หญิงทั่วไปให้อัลลีล A หรือโอกาสที่หญิงทั่วไปให้อัลลีล B		Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ แต่ไม่สามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลของลูกสาวอันไหนมาจากแม่ และอันไหนมาจากพ่อ ซึ่งกรณีนี้แม่อาจถ่ายทอดอัลลีล A หรือ B แล้วทำให้ลูกสาวมีลักษณะดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น A/B (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y) ทำได้ดังนี้

โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A

X (A) คือ โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A แก่ลูกสาวเท่ากับ $1/2$ ซึ่งโอกาสนี้จะรวมถึงโอกาสที่ลูกสาวอาจได้รับอัลลีล A จากพ่อที่มีค่าเท่ากับ $1/2$ ด้วย ดังนั้น โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A ทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $1/2 \times 1/2 = 1/4$

$$Y (A) \text{ คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A} = f_A$$

$$\text{ดังนั้น} \quad X (A)/Y (A) = 1/4f_A$$

โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล B

X (B) คือ โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล B แก่ลูกสาวเท่ากับ $1/2$ ซึ่งโอกาสนี้จะรวมถึงโอกาสที่ลูกสาวได้รับอัลลีล B จากพ่อที่มีค่าเท่ากับ $1/2$ ด้วย ดังนั้นโอกาสที่แม่จะให้อัลลีล B ทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $1/2 \times 1/2 = 1/4$

$$Y (B) \text{ คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล B} = f_B$$

$$\text{ดังนั้น} \quad X (B)/Y (B) = 1/4f_B$$

นำทั้งสองโอกาสมารวมกัน $\{X/ Y (\text{รวม})\} = f_A + f_B / 4(f_A f_B)$

1.3 กรณีแม่มีลักษณะดีเอ็นเอเป็น homozygous และลูกสาวมีลักษณะดีเอ็นเอเป็น heterozygous

แม่ (XX)	ลูกสาว (XX)	
A/A	A/B	
โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A		= X
โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A		Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ แต่ไม่สามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลของลูกสาวอันไหนมาจากแม่ และอันไหนมาจากพ่อ ซึ่งกรณีนี้แม่จะถ่ายทอดอัลลีล A เท่านั้น แล้วทำให้ลูกสาวมีลักษณะดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น A/B (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y) ทำได้ดังนี้

X คือ โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A แก่ลูกสาวเท่ากับ 1 ซึ่งโอกาสนี้จะรวมถึงโอกาสที่ลูกสาวได้รับอัลลีล A จากพ่อที่มีค่าเท่ากับ $1/2$ ด้วย ดังนั้นโอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A ทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $1 \times 1/2 = 1/2$

Y คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A = f_A
 ดังนั้น $X/Y = 1/2f_A$

1.4 กรณีแม่มีลักษณะดีเอ็นเอเป็น heterozygous และลูกสาวมีลักษณะดีเอ็นเอเป็น homozygous

แม่ (XX)	ลูกสาว (XX)	
A/B	A/A	
โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A		= X
โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A		Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ และสามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลอันไหนถ่ายทอดมาจากแม่ และอันไหนมาจากพ่อ ซึ่งกรณีนี้ลูกสาวจะรับอัลลีล A จากแม่เท่านั้น แล้วทำให้ลูกสาวมีลักษณะดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น A/A (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y) ทำได้ดังนี้

X คือ โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A แก่ลูกสาวซึ่งเท่ากับ $1/2$

Y คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A = f_A
 ดังนั้น $X/Y = 1/2f_A$

1.5 กรณีคนทั้งคู่มีลักษณะดีเอ็นเป็น homozygous

แม่ (XX)	ลูกสาว (XX)	
A/A	A/A	
โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A		= X
โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A		= Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ และสามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลอันไหนถ่ายทอดมาจากแม่ และอันไหนมาจากพ่อ ซึ่งกรณีนี้แม่จะถ่ายทอดอัลลีล A เท่านั้น แล้วทำให้ลูกสาวมีลักษณะดีเอ็นเอดำแหน่งนี้เป็น A/A (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y) ทำได้ดังนี้

X คือ โอกาสที่แม่จะให้อัลลีล A แก่ลูกสาวเท่ากับ 1

Y คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A = f_A

ดังนั้น X/Y = $1/f_A$

2. ย่า – หลาน

2.1 กรณีคนทั้งคู่มีลักษณะดีเอ็นเป็น heterozygous โดยมี genotype ที่ต่างกัน

ย่า (XX)	หลาน	สาว (XX)	
A/B		A/C	
โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A			= X
โอกาสที่หญิงทั่วไปให้อัลลีล A			Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ แต่ไม่สามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลของหลานสาวอันไหนมาจากแม่ และอันไหนมาจากย่า (ถ่ายทอดผ่านพ่อ) ซึ่งโอกาสที่ย่าจะถ่ายทอดยีนหนึ่งใดแล้วทำให้หลานสาวมีลักษณะดีเอ็นเอดำแหน่งนี้เป็น A/C (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y) ทำได้ดังนี้

X คือ โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A แก่หลานสาวเท่ากับ $1/2$ ซึ่งโอกาสนี้จะ

รวมถึงโอกาสที่หลานสาวได้รับอัลลีล A จากแม่ที่มีค่าเท่ากับ $1/2$ ด้วย

ดังนั้นโอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A ทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $1/2 \times 1/2 = 1/4$

Y คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A = f_A

ดังนั้น

X/Y = $1/4f_A$

2.2 กรณีที่คนทั้งคู่มีลักษณะดีเอ็นเอเป็น heterozygous โดยมี genotype ที่เหมือนกัน

ย่า (XX)	หลานสาว (XX)	
A/B	A/B	
โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A หรือโอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล B		= X
โอกาสที่หญิงทั่วไปให้อัลลีล A หรือโอกาสที่หญิงทั่วไปให้อัลลีล B		Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ แต่ไม่สามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลของหลานสาวอันไหนมาจากแม่ และอันไหนมาจากย่า (ถ่ายทอดผ่านพ่อ) ซึ่งกรณีนี้ย่าอาจถ่ายทอดอัลลีล A หรือ B แล้วทำให้หลานสาวมีลักษณะดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น A/B (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y) ทำได้ดังนี้

โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A

X (A) คือ โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A แก่หลานสาวเท่ากับ $1/2$ ซึ่งโอกาสนี้จะรวมถึงโอกาสที่หลานสาวได้รับอัลลีล A จากแม่ที่มีค่าเท่ากับ $1/2$ ด้วย ดังนั้นโอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A ทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $1/2 \times 1/2 = 1/4$

Y (A) คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A = f_A

ดังนั้น

$$X(A)/Y(A) = 1/4f_A$$

โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล B

X (B) คือ โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล B แก่หลานสาวเท่ากับ $1/2$ ซึ่งโอกาสนี้จะรวมถึงโอกาสที่หลานสาวได้รับอัลลีล B จากแม่ที่มีค่าเท่ากับ $1/2$ ด้วย ดังนั้นโอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล B ทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $1/2 \times 1/2 = 1/4$

Y (B) คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล B = f_B

ดังนั้น

$$X(B)/Y(B) = 1/4f_B$$

นำทั้งสองโอกาสรวมกัน $\{X/Y \text{ (รวม)}\} = f_A + f_B / 4(f_A f_B)$

2.3 กรณียามีลักษณะดีเอ็นเอเป็น homozygous และหลานสาวมีลักษณะดีเอ็นเอเป็น heterozygous

ย่า (XX) หลานสาว (XX)

A/A A/B

โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A = X

โอกาสที่หญิงทั่วไปให้อัลลีล A Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ แต่ไม่สามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลของหลานสาวอันไหนมาจากแม่ และอันไหนมาจากย่า (ถ่ายทอดผ่านพ่อ) ซึ่งกรณีนี้ย่าจะถ่ายทอดอัลลีล A เท่านั้น แล้วทำให้หลานสาวมีลักษณะดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น A/B (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y) ทำได้ดังนี้

X คือ โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A แก่หลานสาวเท่ากับ 1 ซึ่งโอกาสนี้จะรวมถึงโอกาสที่หลานสาวได้รับอัลลีล A จากแม่ที่มีค่าเท่ากับ $1/2$ ด้วย ดังนั้นโอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A ทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $1 \times 1/2 = 1/2$

Y คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A = f_A
 ดังนั้น $X/Y = 1/2f_A$

2.4 กรณียามีลักษณะดีเอ็นเอเป็น heterozygous และหลานสาวมีลักษณะดีเอ็นเอเป็น homozygous

ย่า (XX) หลานสาว (XX)

A/B A/A

โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A = X

โอกาสที่หญิงทั่วไปให้อัลลีล A Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ และสามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลอันไหนถ่ายทอดมาจากแม่ และอันไหนมาจากย่า (ถ่ายทอดผ่านพ่อ) ซึ่งกรณีนี้หลานสาวจะรับอัลลีล A จากย่าเท่านั้น แล้วทำให้หลานสาวมีลักษณะดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น A/A (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y) ทำได้ดังนี้

X คือ โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A แก่หลานสาวเท่ากับ $1/2$

Y คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A = f_A

ดังนั้น $X/Y = 1/2f_A$

2.5 กรณีย่าและหลานสาวมีลักษณะดีเอ็นเอเป็น homozygous ทั้งคู่

ย่า (XX)	หลานสาว (XX)	
A/A	A/A	
โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A		$= X$
โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A		Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ และสามารถกำหนดได้แน่นอนว่าอัลลีลอันไหนถ่ายทอดมาจากแม่ และอันไหนมาจากย่า (ถ่ายทอดผ่านพ่อ) ซึ่งกรณีนี้ย่าจะถ่ายทอดอัลลีล A เท่านั้น แล้วทำให้หลานสาวมีลักษณะดีเอ็นเอตำแหน่งนี้เป็น A/A (X) เปรียบเทียบกับโอกาสแบบเดียวกันนี้ในหญิงทั่วไป (Y) ทำได้ดังนี้

X คือ โอกาสที่ย่าจะให้อัลลีล A แก่หลานสาวเท่ากับ 1

Y คือ โอกาสที่หญิงทั่วไปจะให้อัลลีล A $= f_A$

ดังนั้น

$$X/Y = 1/f_A$$

3. พี่น้องหญิงร่วมบิดา

3.1 กรณีพี่สาวและน้องสาวมีลักษณะดีเอ็นเอเป็น heterozygous โดยมี genotype ที่ต่างกัน

พี่สาว (XX)	น้องสาว (XX)	
A/B	A/C	
โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนเดียวกัน		$= X$
โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนละคนกัน		Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ เนื่องจากพ่อไม่ได้มารับการตรวจด้วย จึงไม่สามารถกำหนดได้ว่าอัลลีลของพี่สาว และน้องสาวอันไหนมาจากพ่อ ซึ่งกรณีนี้ตามทฤษฎีถ้ามีพ่อคนเดียวกันลูกสาวทั้งสองจะได้รับการถ่ายทอดอัลลีล A ทำให้ทั้งสองมีลักษณะดีเอ็นเอที่สัมพันธ์กัน เปรียบเทียบกับโอกาสที่ทั้งสองได้รับการถ่ายทอดอัลลีล A จากพ่อคนละคนกัน ดังนี้

X คือ โอกาสที่พ่อจะมีอัลลีล A และถ่ายทอดไปให้ลูกสาวทั้งสองคนเท่ากับ f_A รวมถึง

โอกาสที่พี่สาวจะได้รับอัลลีล A จากพ่อก็มีค่าเท่ากับ $1/2$ และโอกาสที่น้องสาวจะได้รับ

อัลลีล A จากพ่อก็มีค่าเท่ากับ $1/2$ ดังนั้นทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $f_A \times 1/2 \times 1/2 = 1/4 f_A$

Y คือ โอกาสที่คนทั้งคู่จะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนละคนกัน $= f_A \times f_A$

ดังนั้น

$$\begin{aligned} X/Y &= \frac{f_A \times 1/2 \times 1/2}{f_A \times f_A} \\ &= 1/4 f_A \end{aligned}$$

3.2 กรณีพี่สาวและน้องสาวเป็น heterozygous โดยมี genotype ที่เหมือนกัน

พี่สาว (XX)	น้องสาว (XX)	
A/B	A/B	
โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล A หรืออัลลีล B จากพ่อคนเดียวกัน		$= \frac{X}{Y}$
โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล A หรืออัลลีล B จากพ่อคนละคนกัน		Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้รับการตรวจ เนื่องจากพ่อไม่ได้มารับการตรวจด้วย จึงไม่สามารถกำหนดได้ว่าอัลลีลของพี่สาว และน้องสาวอันไหนมาจากพ่อ ซึ่งกรณีนี้ตามทฤษฎีถ้ามีพ่อคนเดียวกันลูกสาวทั้งสองจะได้รับการถ่ายทอดอัลลีล A หรืออัลลีล B ทำให้ทั้งสองมีลักษณะดีเอ็นเอที่สัมพันธ์กัน เปรียบเทียบกับโอกาสที่ทั้งสองได้รับการถ่ายทอดอัลลีล A หรืออัลลีล B จากพ่อคนละคนกัน ดังนี้

โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล A

X (A) คือ โอกาสที่พ่อจะมีอัลลีล A และถ่ายทอดไปให้ลูกสาวทั้งสองคนเท่ากับ f_A รวมถึงโอกาสที่พี่สาวจะได้รับอัลลีล A จากพ่อก็มีค่าเท่ากับ $1/2$ และโอกาสที่น้องสาวจะได้รับอัลลีล A จากพ่อก็มีค่าเท่ากับ $1/2$ ดังนั้นทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $f_A \times 1/2 \times 1/2 = 1/4f_A$

Y (A) คือ โอกาสที่คนทั้งคู่จะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนละคนกัน $= f_A \times f_A$

ดังนั้น

$$\begin{aligned} X(A)/Y(A) &= \frac{f_A \times 1/2 \times 1/2}{f_A \times f_A} \\ &= 1/4f_A \end{aligned}$$

โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล B

X (B) คือ โอกาสที่พ่จะมีอัลลีล B และถ่ายทอดไปให้ลูกสาวทั้งสองคนเท่ากับ f_B รวมถึงโอกาสที่พี่สาวจะได้รับอัลลีล B จากพ่อก็มีค่าเท่ากับ $1/2$ และโอกาสที่น้องสาวจะได้รับอัลลีล B จากพ่อก็มีค่าเท่ากับ $1/2$ ดังนั้นทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $f_B \times 1/2 \times 1/2 = 1/4f_B$

Y (B) คือ โอกาสที่คนทั้งคู่จะได้รับอัลลีล B จากพ่อคนละคนกัน $= f_B \times f_B$

ดังนั้น

$$\begin{aligned} X(B)/Y(B) &= \frac{f_B \times 1/2 \times 1/2}{f_B \times f_B} \\ &= 1/4f_B \end{aligned}$$

นำทั้งสองโอกาสมารวมกัน $\{X/ Y \text{ (รวม)}\} = f_A + f_B / 4(f_A f_B)$

3.3 กรณีที่สาวเป็น homozygous และน้องสาวเป็น heterozygous

พี่สาว (XX)	น้องสาว (XX)	
A/A	A/B	
โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนเดียว		= X
โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนละคน		Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้รับการตรวจ เนื่องจากพ่อไม่ได้มารับการตรวจด้วย จึงไม่สามารถกำหนดได้ว่าอัลลีลของน้องสาวอันไหนมาจากพ่อ ซึ่งกรณีนี้ตามทฤษฎีถ้ามีพ่อคนเดียว ลูกสาวทั้งสองจะได้รับการถ่ายทอดอัลลีล A ทำให้ทั้งสองมีลักษณะดีเอ็นเอที่สัมพันธ์กัน เปรียบเทียบกับโอกาสที่ทั้งสองได้รับการถ่ายทอดอัลลีล A จากพ่อคนละคนกัน ดังนี้

X คือ โอกาสที่พ่อจะมีอัลลีล A และถ่ายทอดไปให้ลูกสาวทั้งสองคนเท่ากับ f_A รวมถึงโอกาสที่พี่สาวจะได้รับอัลลีล A จากพ่อก็เท่ากับ 1 และโอกาสที่น้องสาวจะได้รับอัลลีล A จากพ่อก็เท่ากับ $1/2$ ดังนั้นทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $f_A \times 1 \times 1/2 = 1/2f_A$

Y คือ โอกาสที่คนทั้งคู่จะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนละคนกัน = $f_A \times f_A$

ดังนั้น

$$\begin{aligned} X/Y &= \frac{f_A \times 1 \times 1/2}{f_A \times f_A} \\ &= 1/2f_A \end{aligned}$$

3.4 กรณีที่สาวเป็น heterozygous และน้องสาวเป็น homozygous

พี่สาว (XX)	น้องสาว (XX)	
A/B	A/A	
โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนเดียว		= X
โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนละคน		Y

การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้รับการตรวจ เนื่องจากพ่อไม่ได้มารับการตรวจด้วย จึงไม่สามารถกำหนดได้ว่าอัลลีลของพี่สาว อันไหนมาจากพ่อ ซึ่งกรณีนี้ตามทฤษฎีถ้ามีพ่อคนเดียว ลูกสาวทั้งสองจะได้รับการถ่ายทอดอัลลีล A ทำให้ทั้งสองมีลักษณะดีเอ็นเอที่สัมพันธ์กัน เปรียบเทียบกับโอกาสที่ทั้งสองได้รับการถ่ายทอดอัลลีล A จากพ่อคนละคนกัน ดังนี้

X คือ โอกาสที่พ่อจะมีอัลลีล A และถ่ายทอดไปให้ลูกสาวทั้งสองคนเท่ากับ f_A รวมถึงโอกาสที่พี่สาวจะได้รับอัลลีล A จากพ่อก็เท่ากับ $1/2$ และโอกาสที่น้องสาวจะได้รับอัลลีล A จากพ่อก็เท่ากับ 1 ดังนั้นทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $f_A \times 1/2 \times 1 = 1/2f_A$

Y คือ โอกาสที่คนทั้งคู่จะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนละคนกัน = $f_A \times f_A$

ดังนั้น

$$\begin{aligned} X/Y &= \frac{f_A x_1 / 2x_1}{f_A x f_A} \\ &= 1/2f_A \end{aligned}$$

3.5 กรณีที่สาวและน้องสาวเป็น homozygous ทั้งคู่

พี่สาว (XX) น้องสาว (XX)
A/A A/A

โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนเดียวกัน = X

โอกาสที่ลูกสาวทั้งสองจะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนละคนกัน = Y

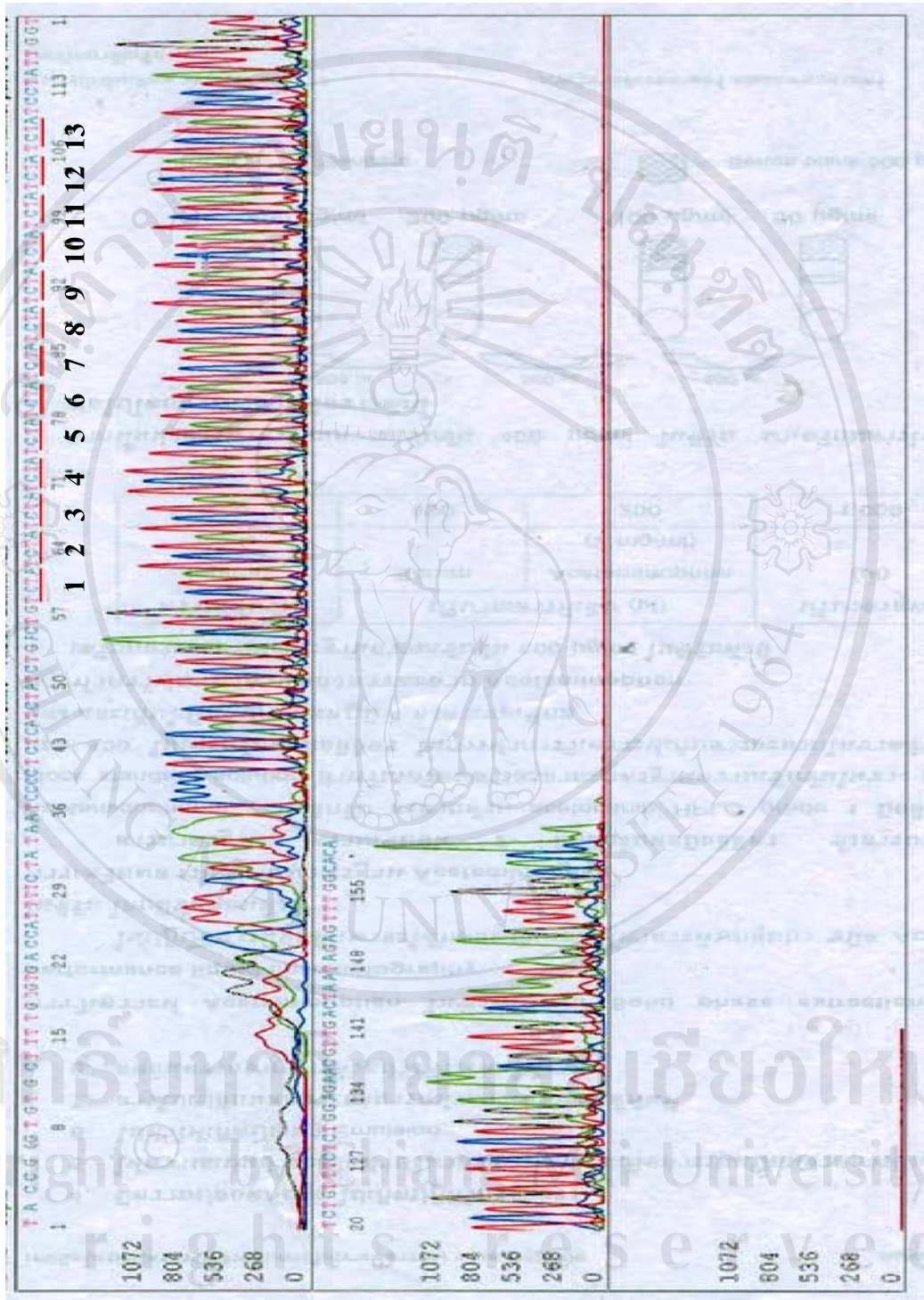
การพิสูจน์ความสัมพันธ์ในกรณีนี้ใช้เมื่อมีอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ และสามารถกำหนดได้ว่าลูกสาวทั้งสองได้อัลลีล A จากพ่อ ดังนี้

X คือ โอกาสที่พ่อจะมีอัลลีล A และถ่ายทอดไปให้ลูกสาวทั้งสองคนเท่ากับ f_A รวมถึงโอกาสที่พี่สาวจะได้รับอัลลีล A จากพ่อก็มีค่าเท่ากับ 1 และโอกาสที่น้องสาวจะได้รับอัลลีล A จากพ่อก็มีค่าเท่ากับ 1 ดังนั้นทั้งหมดจึงมีค่าเท่ากับ $f_A \times 1 \times 1 = 1/f_A$

Y คือ โอกาสที่คนทั้งคู่จะได้รับอัลลีล A จากพ่อคนละคนกัน = $f_A \times f_A$

$$\begin{aligned} \text{ดังนั้น } X/Y &= \frac{f_A x_1 x_1}{f_A x f_A} \\ &= 1/f_A \end{aligned}$$

หมายเหตุ f_A และ f_B คือค่าความถี่ของอัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กันระหว่างผู้มารับการตรวจ



ภาพ 9 แสดงผลการหาลำดับเบสของอัลลีล 13 ในดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง DXS7132 ด้วยเครื่องอัตโนมัติ

ภาคผนวก จ

ลำดับเบสบริเวณดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์บนโครโมโซมเพศหญิงตำแหน่ง DXS7132

ของอัลลีลที่ 14

คัดแปลมาจาก NCBI Reference Sequence: NW_927711.1

>ref|NW_927711.1|:2491485-2491985 Homo sapiens chromosome X genomic contig, alternate assembly (based on Celera), whole genome shotgun sequence

TAGCTCACATACAGTATACTGTGGAACTTCTTAGCCTCCTTAATAGTGTGA
 GCCCATTTCATAATAAATCCCCTCTCATCTATCTGACTGTCTATCTATCTA
 TCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTAATCCTATTG
 GTTCTGTTTCTCTGGAGAACGTTGACTAATAGAGTTTGGCACCA

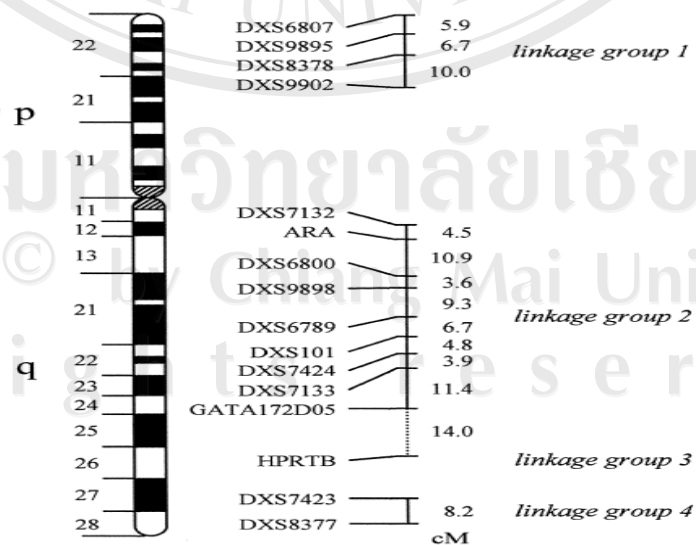
P_F : TATACTGTGGAACTTCTTAGCCTCC

P_R : TGGTGCCAAACTCTATTAGTCAACG

N₅₂ : TTAATAGTGTGAGCCATTTTCATAATAAATCCCCTCTCATCTAT
 CTGACTG

N₂₈ : TCCTATTGGTTCTGTTTCTCTGGAGAAC

■ : ช่วง Tandem repeat



ภาพ 14 แสดงที่ตั้งของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่ง DXS7132 บนโครโมโซมเพศหญิง (Szibor *et al.*, 2003)

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ - สกุล

นางสาวจันทิรา สนิท

วัน เดือน ปี เกิด

29 ตุลาคม 2528

ประวัติการศึกษา

สำเร็จการศึกษามัธยมศึกษาตอนปลาย โรงเรียนจุนวิทยาคม
ปีการศึกษา 2546

สำเร็จการศึกษาระดับปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต สาขาชีววิทยา
มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ ปีการศึกษา 2550

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved