

บทที่ 4

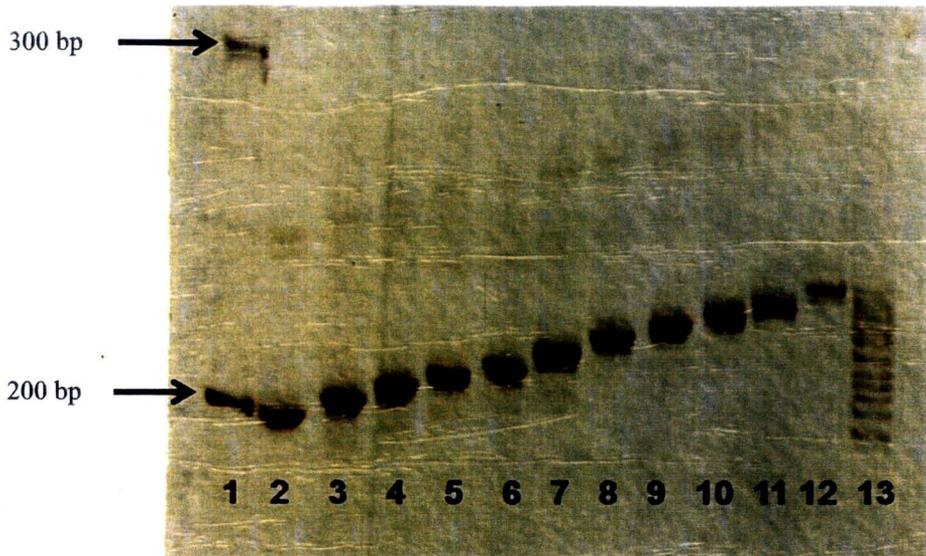
ผลการทดลอง



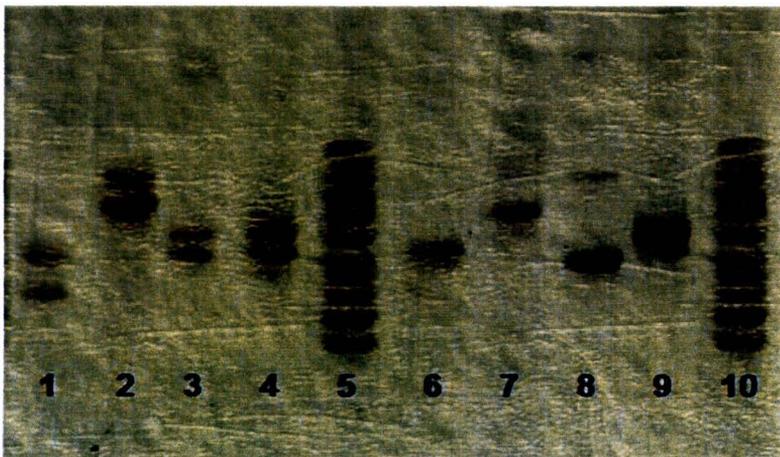
ผลการวิเคราะห์ลักษณะของอัลลีลต่าง ๆ ของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 ในกลุ่มประชากรคนไทยภาคเหนือจำนวน 137 คน

ผลการสร้างอัลลีลมาตรฐานของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

จากการศึกษาค่าความถี่ของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 ในกลุ่มประชากรเพศหญิงที่อาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย โดยทำการเก็บตัวอย่างของเซลล์เยื่อกระดูกฟุ้งแก้วมาทำการสกัดดีเอ็นเอ จากนั้นทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยการใช้เทคนิค PCR โดยตรวจสอบขนาดของ PCR product ที่ได้ด้วยวิธี Polyacrylamide gel electrophoresis เทียบกับดีเอ็นเอขนาดมาตรฐาน (100bp ladder) จากนั้นทำการตัดแถบของดีเอ็นเอที่ปรากฏบนเจลโดยการย้อมสีเจลด้วยวิธี Silver staining มาสกัดดีเอ็นเอ และเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยการใช้เทคนิค PCR อีกครั้ง โดยตรวจสอบขนาดของ PCR product ที่ได้ด้วยวิธี Polyacrylamide gel electrophoresis เทียบกับดีเอ็นเอขนาดมาตรฐาน (100bp ladder) และย้อมสีเจลด้วยวิธี Silver staining ในส่วนแรกผู้วิจัยได้ทำการสร้างอัลลีลมาตรฐาน (Allelic ladder) ขึ้นก่อน จะได้อัลลีลมาตรฐานในตำแหน่ง DXS101 จำนวน 11 อัลลีล ดังแสดงในภาพ 8 เพื่อนำมาใช้เป็นอัลลีลมาตรฐานในการเปรียบเทียบกับดีเอ็นเอของอาสาสมัครในขั้นต่อไป จากนั้นทำการวิเคราะห์ดีเอ็นเอตัวอย่างจากอาสาสมัครด้วยการใช้เทคนิค PCR ในการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม และตรวจสอบขนาด PCR product ที่ได้ด้วยวิธี Polyacrylamide gel electrophoresis เปรียบเทียบกับอัลลีลมาตรฐานที่สร้างไว้แล้ว และทำการย้อมสีเจลด้วยวิธี Silver staining จะปรากฏลักษณะแถบดีเอ็นเอ ดังแสดงในภาพ 9



ภาพ 8 แสดงลักษณะแถบดีเอ็นเอแต่ละอัลลีลของอัลลีลมาตรฐาน (Allelic ladders) ใน ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลต์ที่ตำแหน่ง DXS101 ช่อง 1 คือ 100 bp, ช่อง 2-12 คือ อัลลีล 19, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29 และ 30 ตามลำดับ และช่อง 13 คือ Allelic ladders



ภาพ 9 แสดงลักษณะแถบดีเอ็นเอแต่ละอัลลีลของอัลลีลมาตรฐาน (Allelic ladders) ใน ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลต์ที่ตำแหน่ง DXS101 ช่องที่ 1-4 และ ช่องที่ 6-9 คือลักษณะดีเอ็นเอจากตัวอย่าง ช่องที่ 5 และ ช่องที่ 10 คือ Allelic ladders

ผลการหาลำดับเบสของแต่ละอัลลีลในตำแหน่ง DXS101 ด้วยเครื่องอัตโนมัติ

เมื่อนำแถบดีเอ็นเอแต่ละอัลลีลที่พบในตำแหน่ง DXS101 มาหาลำดับเบสด้วยเครื่องอัตโนมัติ พบว่า ตำแหน่ง DXS101 มีจำนวนอัลลีล 11 อัลลีล มีจำนวนชุดเบสซ้ำ (STR) เป็น 3 เบส (Trinucleotide) จำนวน 2 ชนิด คือ ชนิด CTT และ ATT ดังตาราง 1 และรูปแสดง Electropherogram DNA sequencing data (Applied Biosystems) ของอัลลีลที่พบในตำแหน่ง DXS101 จำนวน 11 อัลลีล คือ อัลลีล 19, อัลลีล 21 ถึง อัลลีล 30 (รูป 10-20)

ตาราง 1 แสดงช่วงการซ้ำของชุดเบสที่พบในแต่ละอัลลีลของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 ที่ตรวจสอบด้วยเครื่องอัตโนมัติ

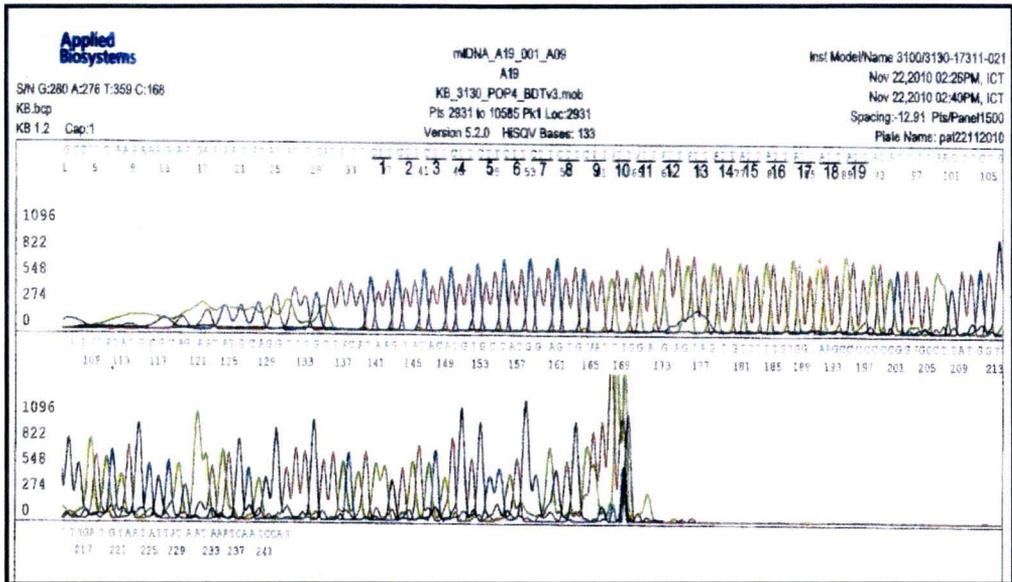
แถบที่	Sequence Composition	Allele
1	$P_F-N_{10}-(CTT)_9(ATT)_{10}-N_{53}-P_R$	19
2	$P_F-N_{10}-(CTT)_{17}(ATT)_4-N_{53}-P_R$	21
3	$P_F-N_{10}-(CTT)_{16}(ATT)_6-N_{53}-P_R$	22
4	$P_F-N_{10}-(CTT)_{17}(ATT)_6-N_{53}-P_R$	23
5	$P_F-N_{10}-(CTT)_{20}(ATT)_4-N_{53}-P_R$	24
6	$P_F-N_{10}-(CTT)_{18}(ATT)_7-N_{53}-P_R$	25
7	$P_F-N_{10}-(CTT)_{15}(ATT)_{11}-N_{53}-P_R$	26
8	$P_F-N_{10}-(CTT)_{17}(ATT)_{10}-N_{53}-P_R$	27
9	$P_F-N_{10}-(CTT)_{19}(ATT)_9-N_{53}-P_R$	28
10	$P_F-N_{10}-(CTT)_{19}(ATT)_{10}-N_{53}-P_R$	29
11	$P_F-N_{10}-(CTT)_{19}(ATT)_{11}-N_{53}-P_R$	30

เมื่อ P_F : ACTCTAAATCAGTCCAAATATCT

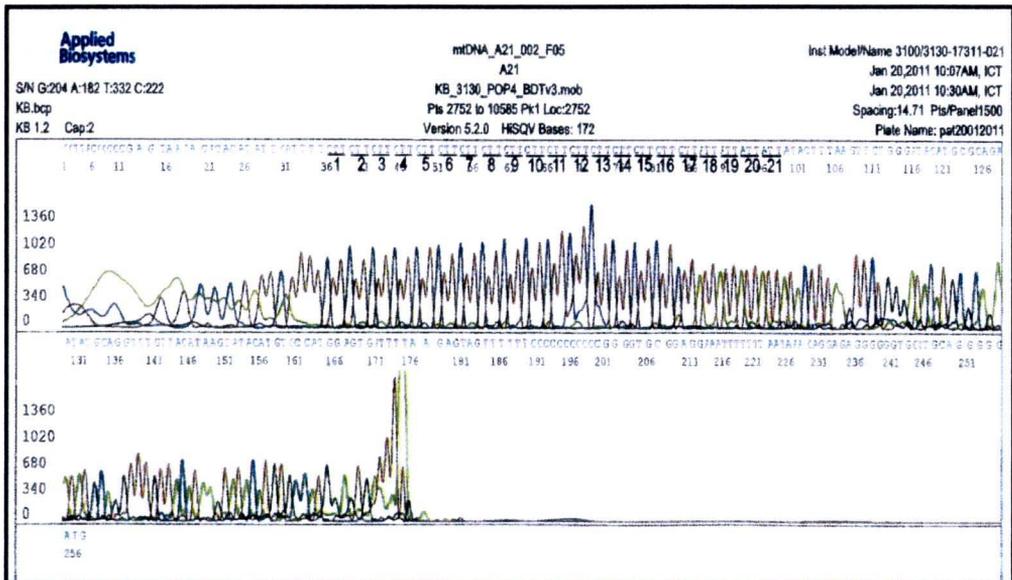
P_R : ATACATGTGCCATGGAGTGATTT

N_{10} : TATTCATTTT

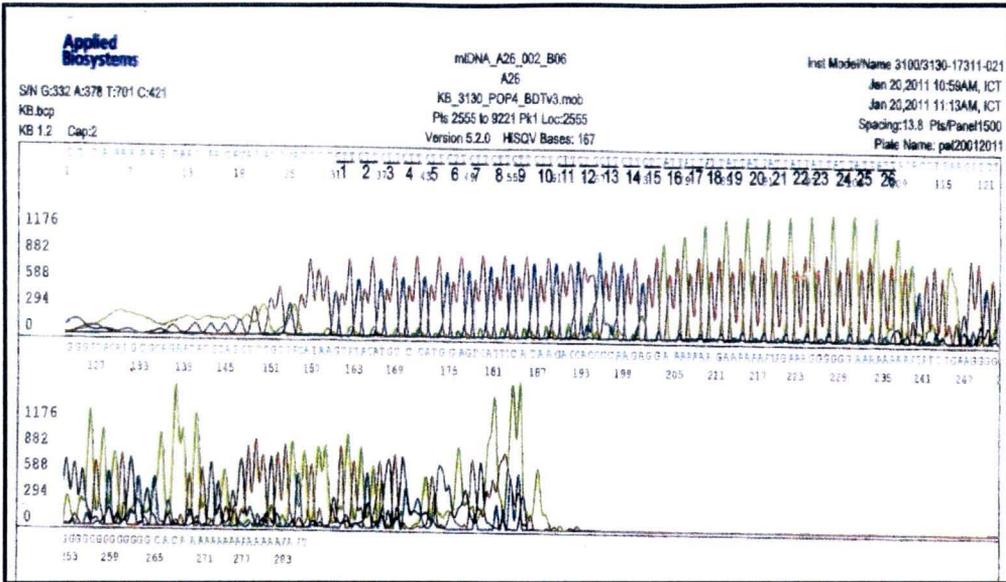
N_{53} : ATACTTTAAGTTCTGGGATACATGCGCAGAATATGCAGGTTTGT
ACATAAGT



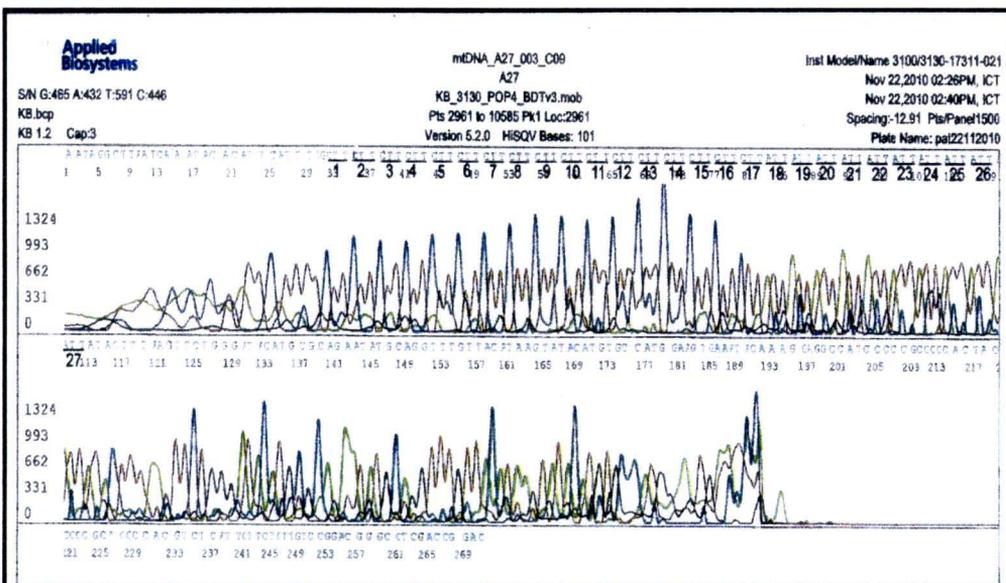
ภาพ 10 แสดง Electropherogram DNA sequencing data ของอัลลีล 19 ใน ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ตำแหน่ง DXS101



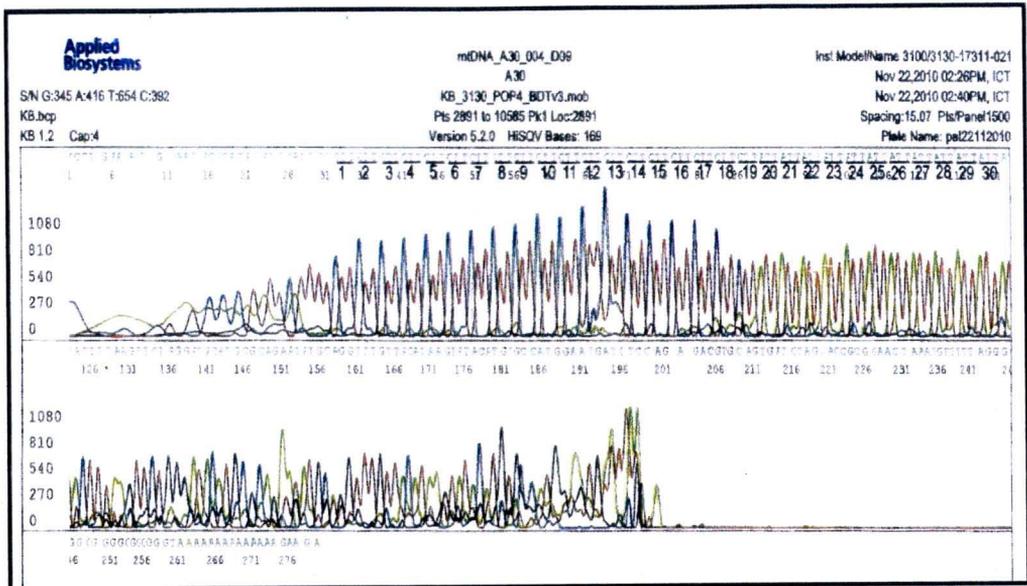
ภาพ 11 แสดง Electropherogram DNA sequencing data ของอัลลีล 21 ใน ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียที่ตำแหน่ง DXS101



ภาพ 16 แสดง Electropherogram DNA sequencing data ของอัลลีล 26 ใน ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101



ภาพ 17 แสดง Electropherogram DNA sequencing data ของอัลลีล 27 ใน ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101



ภาพ 20 แสดง Electropherogram DNA sequencing data ของอัลลีล 30 ใน ดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

ผลการวิเคราะห์ลักษณะทางพันธุกรรม (Genotype) ของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 ในกลุ่มประชากรคนไทยภาคเหนือ จำนวน 137 คน

จากการศึกษาลักษณะของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียไลท์ ตำแหน่ง DXS101 ในประชากรเพศหญิงที่อาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย จำนวน 137 คน ด้วยการใช้เทคนิค PCR ในการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม แล้วตรวจสอบขนาดของ PCR product ที่ได้ด้วยวิธี Polyacrylamide gel electrophoresis เปรียบเทียบกับอัลลีลมาตรฐาน (Allelic ladders) ที่สร้างไว้ และย้อมสีเจลด้วยวิธี Silver staining จะปรากฏลักษณะของแถบดีเอ็นเอ ดังแสดงในภาพ 9 และตรวจพบลักษณะทางพันธุกรรม (Genotype) ของประชากร 137 คน ดังแสดงในตาราง 2

ตาราง 2 แสดงลักษณะพันธุกรรมที่พบในตำแหน่ง DXS101 ของกลุ่มประชากรเพศหญิงที่อาศัยอยู่ในภาคเหนือของประเทศไทย จำนวน 137 คน

ลำดับที่	ลักษณะพันธุกรรม (Genotype)	ลำดับที่	ลักษณะพันธุกรรม (Genotype)
1	21/24	26	23/25
2	25/26	27	24/25
3	26/28	28	21/26
4	24/26	29	21/25
5	24/24	30	24/25
6	24/26	31	25/25
7	23/25	32	28/28
8	24/29	33	22/23
9	24/26	34	24/26
10	24/25	35	19/25
11	25/27	36	25/27
12	24/27	37	24/24
13	27/27	38	22/24
14	24/25	39	22/24
15	24/25	40	27/28
16	23/26	41	24/25
17	25/25	42	24/25
18	23/24	43	24/24
19	25/28	44	26/26
20	25/25	45	23/27
21	25/27	46	24/24
22	23/27	47	25/26
23	24/27	48	25/25
24	24/27	49	25/26
25	26/26	50	23/26



ตาราง 2 (ต่อ)

ลำดับที่	ลักษณะพันธุกรรม (Genotype)	ลำดับที่	ลักษณะพันธุกรรม (Genotype)
51	24/26	77	22/25
52	25/29	78	24/25
53	24/26	79	25/26
54	24/25	80	22/23
55	19/25	81	19/25
56	24/30	82	22/26
57	23/25	83	25/26
58	26/28	84	24/25
59	24/25	85	24/28
60	28/29	86	24/26
61	24/25	87	25/25
62	24/25	88	25/25
63	25/27	89	25/28
64	27/27	90	26/27
65	24/25	91	25/25
66	23/27	92	27/27
67	21/23	93	25/26
68	23/25	94	24/24
69	24/24	95	25/28
70	25/26	96	25/27
71	21/22	97	21/25
72	22/23	98	25/27
73	24/25	99	24/28
74	23/25	100	23/25
75	23/27	101	26/28
76	25/25	102	27/29



ตาราง 2 (ต่อ)

ลำดับที่	ลักษณะพันธุกรรม (Genotype)	ลำดับที่	ลักษณะพันธุกรรม (Genotype)
103	25/26	121	23/25
104	26/28	122	24/25
105	24/24	123	25/26
106	25/25	124	25/26
107	21/23	125	25/26
108	25/27	126	21/25
109	26/29	127	25/26
110	23/25	128	25/28
111	22/27	129	24/28
112	25/26	130	24/26
113	25/26	131	23/26
114	26/30	132	26/27
115	23/24	133	25/26
116	24/26	134	24/25
117	21/29	135	24/24
118	25/30	136	25/27
119	24/27	137	24/24
120	22/24		

ผลการหาค่าความถี่ของอัลลีลต่าง ๆ ของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ และการประเมินประสิทธิรูปของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

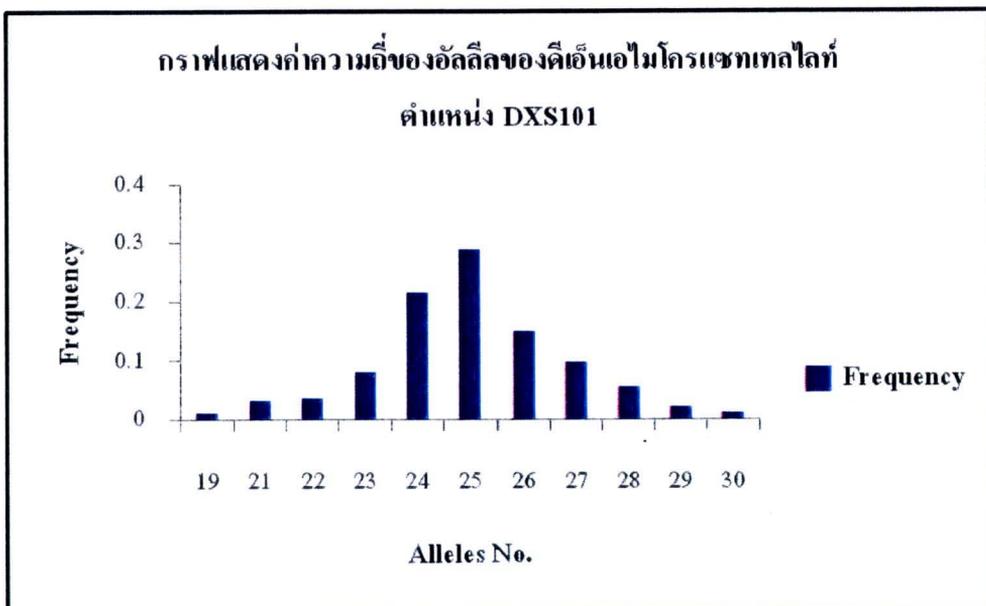
ผลการหาค่าความถี่ของอัลลีลของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

จากการนับจำนวนแถบดีเอ็นเอในลักษณะพันธุกรรม (Genotype) ที่พบตามผลการทดลอง (ข้อ 2) ของแต่ละอัลลีล แล้วคำนวณค่าความถี่ของแต่ละอัลลีล จะพบว่าอัลลีลที่ 25 มีความถี่สูงสุดคือเท่ากับ 0.2883 อัลลีล 19 และอัลลีล 30 มีความถี่น้อยที่สุดคือเท่ากับ 0.0110 ดังแสดงในตาราง 3

ตาราง 3 แสดงจำนวนและค่าความถี่ของแต่ละอัลลีลในดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

อัลลีลที่	จำนวน	ค่าความถี่
19	3	0.0110
21	9	0.0329
22	10	0.0365
23	22	0.0803
24	59	0.2153
25	79	0.2883
26	41	0.1496
27	27	0.0985
28	15	0.0547
29	6	0.0219
30	3	0.0110
รวม	274	1.0000

เมื่อนำความถี่ของอัลลีลมาสร้างกราฟการกระจายตัวจะได้กราฟดังแสดงในภาพ 21



ภาพ 21 แสดงค่าความถี่ของแต่ละอัลลีลของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

ผลการคำนวณค่าความถี่ของแต่ละลักษณะพันธุกรรม (Genotype) ที่พบในกลุ่มตัวอย่าง ประชากรเพศหญิง จำนวน 137

จากการนับจำนวนลักษณะพันธุกรรม (Genotype) ที่พบตามการทดลอง (ข้อ 2) ของ กลุ่มตัวอย่างอาสาสมัครเพศหญิง จำนวน 137 คน เมื่อคำนวณค่าความถี่ของแต่ละลักษณะพันธุกรรม (Genotype) ที่พบได้ค่าดังตาราง 4

ผลการคำนวณค่ากำลังแยกแยะ (Power of Discrimination: PD) ของดีเอ็นเอ ไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

การคำนวณค่ากำลังการแยกแยะ (PD) สามารถคำนวณได้ตามสูตรดังนี้

$$PD (\text{female sample}) = 1 - 2 \left(\sum P_i^2 \right)^2 + \sum P_i^4$$

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

เมื่อ P_i คือค่าความถี่ของแต่ละอัลลีล

เมื่อคำนวณค่ากำลังการแยกแยะในผู้หญิง (PD_F) พบว่า มีค่าเท่ากับ 0.9491 (ตาราง 5) และคำนวณค่ากำลังการแยกแยะในผู้ชาย (PD_M) พบว่า มีค่าเท่ากับ 0.8259 (ตาราง 6)

ตาราง 4 แสดงค่าความถี่ที่ได้จากการคำนวณของแต่ละลักษณะที่พบในกลุ่มตัวอย่างของอาสาสมัครเพศหญิงจำนวนทั้งหมด 137 คน ของดีเอ็นเอไมโทโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

Genotype	จำนวน	ความถี่
19/25	1	0.0073
21/22	1	0.0073
21/24	1	0.0073
21/25	3	0.0219
21/26	1	0.0073
21/29	1	0.0073
22/23	3	0.0219
22/24	3	0.0219
22/25	1	0.0073
22/26	1	0.0073
22/27	1	0.0073
23/24	2	0.0146
23/25	8	0.0584
23/26	3	0.0219
23/27	4	0.0292
24/24	9	0.0657
24/25	17	0.1241
24/26	9	0.0657
24/27	4	0.0292
24/28	3	0.0219
24/29	1	0.0073
24/30	1	0.0073
25/25	9	0.0657
25/26	15	0.1095

ตาราง 4 (ต่อ)

Genotype	จำนวน	ความถี่
25/27	8	0.0584
25/28	4	0.0292
25/29	1	0.0073
25/30	1	0.0073
26/26	2	0.0146
26/27	2	0.0146
26/28	4	0.0292
26/29	1	0.0073
26/30	1	0.0073
27/27	3	0.0219
27/28	1	0.0073
27/29	1	0.0073
28/28	1	0.0073
28/29	1	0.0073
รวม	137	1.0000



ตาราง 5 แสดงสูตรการคำนวณและค่าที่ได้จากการคำนวณของกำลังการแยกแยะในผู้หญิง (PD_f) ของดีเอ็นเอไมโทคอนเดรียไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

$PD \text{ (female sample)} = 1 - 2 \left(\sum Pi^2 \right)^2 + \sum Pi^4$			
Alleles	Pi	Pi ²	Pi ⁴
19	0.0110	0.000121	1.4641x10 ⁻⁸
21	0.0329	0.001082	1.1716x10 ⁻⁶
22	0.0365	0.001332	1.7749x10 ⁻⁶
23	0.0803	0.006448	4.1578x10 ⁻⁵
24	0.2153	0.046354	0.0021487
25	0.2883	0.083117	0.00690842
26	0.1496	0.02238	0.00050087
27	0.0985	0.009702	9.4134x10 ⁻⁵
28	0.0547	0.002992	8.9526x10 ⁻⁶
29	0.0219	0.00048	2.3003x10 ⁻⁷
30	0.0110	0.000121	1.4641x10 ⁻⁸
รวม	1	0.1741	0.009706
$PD \text{ (female sample)} = 1 - 2 \left(\sum Pi^2 \right)^2 + \sum Pi^4$ $= 1 - 2(0.1741)^2 + 0.0097$ $= \mathbf{0.9491}$			

ผลการคำนวณค่ากำลังการคัดออก (Power of Exclusion: PE) ของดีเอ็นเอ ไมโครแซทเทลไลต์ที่ตำแหน่ง DXS101

เมื่อคำนวณค่า Power of Exclusion in trio (กรณีที่ได้หลักฐานมากับมารดาแท้ๆ แล้ว กล่าวหาว่าชายผู้ถูกกล่าวหาเป็นบิดาของตน) ตามสูตรคำนวณดังนี้

$$PE (\text{trio}) = 1 - \sum P_i^{-2} + \sum P_i^{-4} - \left(\sum P_i^{-2} \right)^2$$

เมื่อ P_i คือค่าความถี่ของแต่ละอัลลีล

พบว่าค่า PE trio ที่คำนวณได้มีค่าเท่ากับ 0.8053 (ตาราง 7) และเมื่อคำนวณค่า Power of Exclusion in motherless (กรณีที่ได้หลักฐานมากกล่าวหาว่าชายผู้ถูกกล่าวหาเป็นบิดาของตน และไม่มีมารดา มาตรวจด้วย) ตามสูตรคำนวณ ดังนี้

$$PE (\text{motherless}) = 1 - 2 \left(\sum P_i^{-2} \right) + \sum P_i^{-3}$$

เมื่อ P_i คือค่าความถี่ของแต่ละอัลลีล

พบว่าค่า PE (motherless) ที่คำนวณได้มีค่าเท่ากับ 0.6908 (ตาราง 8)

ตาราง 7 แสดงค่าที่ได้จากการคำนวณค่ากำลังการคัดออก (PE trio) ในกรณีที่เด็กหญิงมากับมารดาแท้ ๆ แล้วกล่าวหาว่าชายผู้ถูกกล่าวหาเป็นบิดาของตน ของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

$PE (trio) = 1 - \sum P_i^2 + \sum P_i^4 - (\sum P_i^2)^2$			
Alleles	Pi	Pi ²	Pi ⁴
19	0.0110	0.000121	1.4641x10 ⁻⁸
21	0.0329	0.001082	1.1716x10 ⁻⁶
22	0.0365	0.001332	1.7749x10 ⁻⁶
23	0.0803	0.006448	4.1578x10 ⁻⁵
24	0.2153	0.046354	0.0021487
25	0.2883	0.083117	0.00690842
26	0.1496	0.02238	0.00050087
27	0.0985	0.009702	9.4134x10 ⁻⁵
28	0.0547	0.002992	8.9526x10 ⁻⁶
29	0.0219	0.00048	2.3003x10 ⁻⁷
30	0.0110	0.000121	1.4641x10 ⁻⁸
รวม	1	0.1741	0.009706
$\begin{aligned} \text{Power of Exclusion (trio)} &= 1 - \sum P_i^2 + \sum P_i^4 - (\sum P_i^2)^2 \\ &= 1 - 0.1741 + 0.0097 - 0.0303 \\ &= \mathbf{0.8053} \end{aligned}$			

ตาราง 8 แสดงค่าที่ได้จากการคำนวณค่ากำลังการคัดออก (PE motherless) ในกรณีที่ได้ถูกหึงมา กล่าวหาว่าชายผู้ถูกกล่าวหาเป็นบิดาของตน และไม่มีมารดาตรวจด้วย ของดีเอ็นเอ ไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

$PE (\text{motherless}) = 1 - 2 \left(\sum Pi^2 \right) + \sum Pi^3$			
Alleles	Pi	Pi ²	Pi ³
19	0.011	0.000121	1.33x10 ⁻⁶
21	0.0329	0.001082	3.56x10 ⁻⁵
22	0.0365	0.001332	4.86x10 ⁻⁵
23	0.0803	0.006448	0.000518
24	0.2153	0.046354	0.00998
25	0.2883	0.083117	0.023963
26	0.1496	0.02238	0.003348
27	0.0985	0.009702	0.000956
28	0.0547	0.002992	0.000164
29	0.0219	0.00048	1.05x10 ⁻⁵
30	0.011	0.000121	1.33x10 ⁻⁶
รวม	1	0.1741	0.039
$PE (\text{motherless}) = 1 - 2 \left(\sum Pi^2 \right) + \sum Pi^3$ $= 1 - 2(0.1741) + 0.039$ $= \mathbf{0.6908}$			



ผลการคำนวณค่า Heterozygosity (h) และสมมูลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg Equilibrium) ของดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลต์ที่ตำแหน่ง DXS101

ผลการคำนวณค่า Heterozygosity (h)

ผลการคำนวณค่า Heterozygosity ที่ได้จากการสังเกต (H_{observed}) โดยคิดสัดส่วนระหว่างจำนวนสมาชิกที่มีลักษณะพันธุกรรม (Genotype) ที่เป็นเฮเทอโรไซโกต ต่อจำนวนสมาชิกทั้งหมด พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.8248 หรือคิดเป็น 82.48% ส่วนค่า Heterozygosity ที่ได้จากการคาดหวัง (H_{expected}) คำนวณได้จากสูตรดังนี้ (Bhoopat, 1996)

$$\text{Heterozygosity (h)} = \frac{n(1 - \sum p_i^2)}{n-1}$$

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

- เมื่อ p_i = ความถี่ของแต่ละอัลลีล
 n = จำนวนอัลลีลที่ทำการสำรวจ
 h = ค่า Heterozygosity ที่คาดหวัง
 N = จำนวนกลุ่มตัวอย่าง

ผลการคำนวณค่า Heterozygosity ที่ได้จากการคาดหวัง (H_{expected}) พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.8289 ± 0.0322 หรือคิดเป็น $82.89 \pm 3.22\%$ (ตาราง 9) จากค่า Heterozygosity ที่ได้จากการสังเกต (H_{observed}) พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.8248 หรือคิดเป็น 82.48% จะเห็นได้ว่ามีค่าใกล้เคียงหรืออยู่ในช่วงของค่า Heterozygosity ที่ได้จากการคาดหวัง (H_{expected}) พบว่ามีค่าเท่ากับ 0.8289 ± 0.0322 หรือคิดเป็น $82.89 \pm 3.22\%$ แสดงว่าวิธีการหรือเทคนิคที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอ และการเลือกกลุ่มตัวอย่างเป็นไปอย่างถูกต้องและเหมาะสม

ตาราง 9 แสดงการคำนวณ ค่า Heterozygosity (H_{expected}) ของดีเอ็นเอไมโทโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101

Alleles	Pi	Pi ²
19	0.011	0.000121
21	0.0329	0.001082
22	0.0365	0.001332
23	0.0803	0.006448
24	0.2153	0.046354
25	0.2883	0.083117
26	0.1496	0.02238
27	0.0985	0.009702
28	0.0547	0.002992
29	0.0219	0.00048
30	0.011	0.000121
รวม	1	0.1741

$$\text{Heterozygosity (h)} = \frac{n(1 - \sum p_i^2)}{n-1}$$

$$= \frac{274(1 - 0.1741)}{274-1}$$

$$= 0.8289$$

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

$$= \sqrt{\frac{0.8289(1-0.8289)}{137}}$$

$$= 0.0322$$

ผลการทดสอบการกระจายตัวของลักษณะพันธุกรรม (Genotype) ตามกฎสมมูลของฮาร์ดีและไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg Equilibrium)

วิธีการคำนวณค่าสมมูลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg Equilibrium) มีวิธีคิดดังนี้

ตาราง 10 แสดงการคำนวณค่าสมมูลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg Equilibrium)

โดยใช้ Chi-square test (χ^2)

Phenotype	จำนวน (O)	จำนวน (E)	$\chi^2 = \frac{(O-E)^2}{E}$
19/19	0	0.016577	0.016577
19/21	0	0.099161	0.099161
19/22	0	0.110011	0.110011
19/23	0	0.242024	0.242024
19/24	0	0.648914	0.648914
19/25	3	0.868936	5.226428
19/26	0	0.450894	0.450894
19/27	0	0.296879	0.296879
19/28	0	0.164866	0.164866
19/29	0	0.066007	0.066007
19/30	0	0.033154	0.033154
21/21	0	0.14829	0.14829
21/22	1	0.329033	1.368243
21/23	0	0.723872	0.723872
21/24	1	1.940843	0.456083
21/25	3	2.598909	0.061901
21/26	1	1.348584	0.090103
21/27	0	0.887938	0.887938
21/28	0	0.493099	0.493099

ตาราง 10 (ต่อ)

Phenotype	จำนวน (O)	จำนวน (E)	$\chi^2 = \frac{(O-E)^2}{E}$
21/29	1	0.19742	3.262769
21/30	0	0.099161	0.099161
22/22	0	0.182518	0.182518
22/23	3	0.80308	6.00993
22/24	3	2.153215	0.333011
22/25	1	2.883288	1.230115
22/26	1	1.49615	0.164532
22/27	1	0.985099	0.000225
22/28	0	0.547055	0.547055
22/29	0	0.219022	0.219022
22/30	0	0.110011	0.110011
23/23	0	0.883388	0.883388
23/24	2	4.737074	1.581477
23/25	8	6.343234	0.432724
23/26	3	3.291529	0.025821
23/27	4	2.167217	1.549958
23/28	0	1.20352	1.20352
23/29	0	0.481848	0.481848
23/30	0	0.242024	0.242024
24/24	9	6.35051	1.105391
24/25	17	17.00745	3.26E-06
24/26	9	8.825233	0.003461
24/27	4	5.810732	0.564258
24/28	3	3.226873	0.015951



ตาราง 10 (ต่อ)

Phenotype	จำนวน (O)	จำนวน (E)	$\chi^2 = \frac{(O-E)^2}{E}$
24/29	1	1.291929	0.065965
24/30	1	0.648914	0.18995
25/25	9	11.38701	0.50038
25/26	15	11.81753	0.85704
25/27	8	7.780929	0.006168
25/28	4	4.320983	0.023844
25/29	1	1.729973	0.308017
25/30	1	0.868936	0.019769
26/26	2	3.066082	0.370679
26/27	2	4.037554	1.028253
26/28	4	2.242175	1.378104
26/29	1	0.89769	0.01166
26/30	1	0.450894	0.668709
27/27	3	1.329208	2.100156
27/28	1	1.476298	0.153668
27/29	1	0.591059	0.282937
27/30	0	0.296879	0.296879
28/28	1	0.409916	0.849439
28/29	1	0.328233	1.374851
28/30	0	0.164866	0.164866
29/29	0	0.065707	0.065707
29/30	0	0.066007	0.066007
30/30	0	0.016577	0.016577
รวม	137	137	42.632

สมมติฐาน

H_0 : จำนวนลักษณะพันธุกรรมที่สังเกตได้กับจำนวนพันธุกรรมที่คาดหวังไม่มีความแตกต่างกัน

H_1 : จำนวนลักษณะพันธุกรรมที่สังเกตได้กับจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่คาดหวังมีความแตกต่างกัน

หาเขตวิกฤต ที่ $df = K-1$

$$df = 66-1$$

$$= 65$$

ค่าที่ได้จากการคำนวณ $X^2 = 42.632$

ค่าที่ได้จากตาราง ในกรณีที่มีค่า $K > 40$ หาได้จากสูตร $K \left[\left(1 - \frac{2}{9K} \right) + Z_{\alpha} \left(\sqrt{\frac{2}{9K}} \right) \right]$

(ศุภชัย, 2547)

$$X^2 = 89.186 \text{ (ระดับนัยสำคัญเท่ากับ 0.05)}$$

ผลจากการทดสอบ เนื่องจากค่าสถิติทดสอบที่คำนวณได้จากข้อมูล ($X^2 = 42.632$) มีค่าน้อยกว่าค่าเขตวิกฤตที่เปิดได้จากตารางไคสแควร์ ($X^2_{(65, 0.05)} = 89.186$) ดังนั้นจึงยอมรับ H_0 นั่นคือจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่ได้จากการสังเกต (n_{observed}) และจำนวนลักษณะพันธุกรรมที่คาดหวัง (n_{expected}) ไม่มีความแตกต่างกัน หรือกล่าวได้ว่า จำนวนลักษณะพันธุกรรมที่สังเกต (n_{observed}) มีการกระจายตัวเป็นไปตามกฎความสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg Equilibrium) ($p=0.982$) จึงเชื่อได้ว่าวิธีการหรือเทคนิคที่ใช้ในการตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอ และการเลือกสุ่มตัวอย่างในการวิจัยครั้งนี้เป็นไปอย่างถูกต้องและเหมาะสม จึงสามารถใช้เทคนิคนี้ในการตรวจวิเคราะห์ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่ตำแหน่ง DXS101 ได้

ผลการทดสอบความเป็นอิสระต่อกัน (Linkage equilibrium)

ผลการทดสอบความเป็นอิสระต่อกันระหว่างตำแหน่ง DXS101 กับตำแหน่ง DXS7130 โดยการใช้สถิติ Chi-square test (X^2) ในการคำนวณ เพื่อเปรียบเทียบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมระหว่างตำแหน่ง DXS101 กับตำแหน่ง DXS7130 จำนวน 83 ตัวอย่าง (ตาราง 11)

ตาราง 11 แสดงลักษณะทางพันธุกรรมระหว่าง ตำแหน่ง DXS101 กับ ตำแหน่ง DXS7130

Sample NO.	Genotype	
	DXS101	DXS7130*
1	21/24	15.3/16.3
2	25/26	14.3/16.3
3	26/28	12/12
4	24/26	15.3/15.3
5	24/24	11/15.3
6	24/26	11/17.3
7	23/25	11/15.3
8	24/29	11/16.3
9	24/26	11/14.3
10	24/25	13/16.3
11	25/27	11/15.3
12	24/27	12/15.3
13	27/27	11/14.3
14	24/25	15.3/15.3
15	24/25	11/11
16	23/26	12/15.3
17	25/25	14.3/17.3
18	23/24	11/11
19	25/28	14.3/15.3
20	25/25	15.3/15.3
21	25/27	13/15.3
22	23/27	11/12
23	24/27	15.3/15.3
24	24/27	11/15.3
25	26/26	15.3/16.3
26	23/25	13/14.3

ตาราง 11 (ต่อ)

Sample NO.	Genotype	
	DXS101	DXS7130*
27	24/25	15.3/16.3
28	21/26	12/16.3
29	21/25	11/11
30	24/25	14.3/15.3
31	25/25	11/15.3
33	22/23	13/13.3
34	24/26	11/12
35	19/25	11/15.3
36	25/27	12/15.3
37	24/24	12/15.3
38	22/24	11/15.3
39	22/24	11/12
40	27/28	15.3/15.3
41	24/25	17.3/17.3
42	24/25	15.3/15.3
43	24/24	15.3/16.3
44	26/26	11/13
45	23/27	15.3/15.3
46	24/24	11/15.3
47	25/26	11/11
48	25/25	12/14.3
49	25/26	11/15.3
50	23/26	13/15.3
51	24/26	13/16.3
52	25/29	14.3/16.3
53	24/26	15.3/15.3



ตาราง 11 (ต่อ)

Sample NO.	Genotype	
	DXS101	DXS7130*
54	24/25	11/13.3
55	19/25	11/15.3
56	24/30	13/14.3
57	23/25	15.3/15.3
58	26/28	14.3/15.3
59	24/25	11/16.3
60	28/29	15.3/16.3
61	24/25	15.3/15.3
62	24/25	11/16.3
63	25/27	15.3/16.3
70	25/26	14.3/15.3
71	21/22	11/15.3
72	22/23	15.3/16.3
73	24/25	11/14.3
74	23/25	12/15.3
75	23/27	11/14.3
77	22/25	11/12
78	24/25	11/15.3
80	22/23	12/13
81	19/25	15.3/15.3
82	22/26	11/12
83	25/26	15.3/16.3
84	24/25	13/15.3
85	24/28	11/13
96	25/27	15.3/15.3
97	21/25	15.3/16.3

ตาราง 11 (ต่อ)

Sample NO.	Genotype	
	DXS101	DXS7130*
98	25/27	11/12
99	24/28	13/14.3
100	23/25	11/12
101	26/28	12/15.3
115	23/24	11/15.3

หมายเหตุ * คือ Genotype ตำแหน่ง DXS7130 จากงานค้นคว้าแบบอิสระของ นางสาวปรัชญาภรณ์ เทพประชุม

จากตาราง 11 แสดงลักษณะทางพันธุกรรมที่พบในตำแหน่ง DXS101 และตำแหน่ง DXS7130 โดยทำการเปรียบเทียบจากตัวอย่าง DNA template หลอดเดียวกัน เพื่อจะทำการเปรียบเทียบการกระจายตัวของอัลลีลต่าง ๆ ที่พบ (Observed) ในตำแหน่ง DXS101 และตำแหน่ง DXS7130 ดังแสดงในตาราง 12 และทำการเปรียบเทียบการกระจายตัวของอัลลีลต่าง ๆ ที่ได้จากการคาดหวัง (Expected) ในตำแหน่ง DXS101 และตำแหน่ง DXS7130 ดังแสดงในตาราง 13 จากนั้นทำการคำนวณทางสถิติโดยใช้ Chi-square test (X^2) ได้ผลดังตาราง 14 ผลจากการวิเคราะห์ค่าที่ได้จากการคำนวณโดยใช้ Chi-square test พบว่า ตำแหน่ง DXS101 มีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมเป็นอิสระต่อกันกับตำแหน่ง DXS7130 (ระดับนัยสำคัญ 0.05)

ตาราง 12 แสดงการกระจายตัวของอัลลีลต่างๆ ที่พบ (Observed) ระหว่างตำแหน่ง DXS101 กับ ตำแหน่ง DXS7130 ในประชากรตัวอย่าง 83 ราย

DXS7130 DXS101	10	11	12	13	13.3	14.3	15.3	16.3	17.3	รวม	DXS101 Allele frequency
19	0	2	0	0	0	0	4	0	0		0.0110
21	0	3	1	0	0	0	3	3	0		0.0329
22	0	5	4	2	1	0	3	1	0		0.0365
23	0	7	5	5	1	3	10	1	0		0.0803
24	0	22	5	5	1	4	29	9	3		0.2153
25	0	21	7	4	1	11	35	9	4		0.2883
26	0	9	7	4	0	4	12	7	1		0.1496
27	0	7	4	1	0	3	14	1	0		0.0985
28	0	1	3	2	0	3	6	1	0		0.0547
29	0	1	0	0	0	1	1	3	0		0.0219
30	0	0	0	1	0	1	0	0	0		0.0110
รวม	2	78	38	24	4	30	117	35	8	332	
DXS7130* Allele frequency	0.0042	0.2500	0.1250	0.0708	0.0208	0.0792	0.3292	0.1083	0.0125		1

หมายเหตุ * คือ ค่าความถี่แต่ละอัลลีลของตำแหน่ง DXS7130 จากงานค้นคว้าแบบอิสระของ นางสาวปรัชญากรณ์ เทพประทุม

ตาราง 13 แสดงการกระจายตัวของอัลลีลิต่าง ๆ ที่คาดหวัง (Expected) ระหว่างตำแหน่ง DXS101 กับ ตำแหน่ง DXS7130 ในประชากรตัวอย่าง 83 ราย

DXS7130 DXS101	10	11	12	13	13.3	14.3	15.3	16.3	17.3	DXS101 Allele frequency
19	0.0153	0.913	0.4565	0.2586	0.0759	0.2892	1.2022	0.3955	0.0457	0.0110
21	0.0459	2.7307	1.3654	0.7733	0.2272	0.8651	3.5958	1.1829	0.1365	0.0329
22	0.0509	3.0295	1.5148	0.8579	0.2520	0.9597	3.9892	1.3124	0.1515	0.0365
23	0.1119	6.6649	3.3324	1.8875	0.5545	2.1114	8.7763	2.8872	0.3332	0.0803
24	0.3002	17.869	8.9349	5.0608	1.4868	5.6612	23.531	7.7412	0.8935	0.2153
25	0.4020	23.929	11.964	6.7767	1.9909	7.5807	31.509	10.366	1.1964	0.2883
26	0.2086	12.417	6.2084	3.5164	1.0331	3.9336	16.350	5.3789	0.6208	0.1496
27	0.1373	8.1755	4.0878	2.3153	0.6802	2.5899	10.766	3.5416	0.4088	0.0985
28	0.0763	4.5401	2.2701	1.2858	0.3777	1.4383	5.9784	1.9668	0.2270	0.0547
29	0.0305	1.8177	0.9089	0.5148	0.1512	0.5758	2.3935	0.7874	0.0909	0.0219
30	0.0153	0.913	0.4565	0.2586	0.0759	0.2892	1.2022	0.3955	0.0457	0.0110
DXS7130* Allele frequency	0.0042	0.2500	0.1250	0.0708	0.0208	0.0792	0.3292	0.1083	0.0125	1

หมายเหตุ * คือ ค่าความถี่แต่ละอัลลีลิต่างตำแหน่ง DXS7130 จากงานค้นคว้าแบบอิสระของ นางสาวปรัชญากรณ์ เทพประทุม

ตาราง 14 ค่าที่ได้จากการคำนวณทางสถิติโดยใช้ Chi-square test (χ^2) ระหว่างตำแหน่ง DXS101 กับ ตำแหน่ง DXS7130 ในประชากรตัวอย่าง 83 ราย

DXS7130 DXS101	10	11	12	13	13.3	14.3	15.3	16.3	17.3	รวม	DXS101 Allele frequency
19	0.0153	1.2941	0.4565	0.2586	0.0759	0.2892	6.5107	0.3955	0.0457		0.0110
21	0.0459	0.0266	0.0978	0.7733	0.2272	0.8651	0.0987	2.7911	0.1365		0.0329
22	0.0509	1.2817	4.0775	1.5202	2.2195	0.9597	0.2453	0.0744	0.1515		0.0365
23	0.1119	0.0168	0.8344	5.1325	0.3579	0.3739	0.1706	1.2336	0.3332		0.0803
24	0.3002	0.9546	1.7329	0.0007	0.1594	0.4874	1.2710	0.2047	4.9663		0.2153
25	0.4020	0.3585	2.0599	1.1377	0.4932	1.5423	0.3866	0.1800	6.5694		0.2883
26	0.2086	0.9402	0.1009	0.0665	1.0331	0.0011	1.1575	0.4885	0.2316		0.1496
27	0.1373	0.1690	0.0019	0.7472	0.6802	0.0649	0.9718	1.8239	0.4088		0.0985
28	0.0763	2.7604	0.2347	0.3968	0.3777	1.6957	7×10^{-5}	0.4752	0.2270		0.0547
29	0.0305	0.3678	0.9089	0.5148	0.1512	0.3124	0.8113	6.2170	0.0909		0.0219
30	0.0153	0.913	0.4565	2.1261	0.0759	1.7466	1.2022	0.3955	0.0457		0.0110
รวม	1.3942	9.0827	10.962	12.674	5.8512	8.3383	12.826	14.279	13.207	88.614	
DXS7130* Allele frequency	0.0042	0.2500	0.1250	0.0708	0.0208	0.0792	0.3292	0.1083	0.0125		1

หมายเหตุ * คือ ค่าความถี่แต่ละอัลลีลของแต่ละตำแหน่ง DXS7130 จากงานค้นคว้าแบบอิสระของ นางสาวปรัชญากรณ์ เทพประทุม

Chi-square Test (X^2)

$$X^2 = \sum \frac{(O-E)^2}{E}$$

เมื่อ O = จำนวนที่พบ (คือการกระจายตัวของอัลลีลต่าง ๆ ในตัวอย่าง 83 ราย 332 อัลลีล)

E = (ความถี่ในอัลลีลนั้นของตำแหน่ง DXS101 x ความถี่ในอัลลีลนั้นของตำแหน่ง DXS7130 x จำนวนอัลลีลทั้งหมดที่ทำการตรวจสอบ)

ตัวอย่างเช่น ช่องแรกอัลลีลที่ 19 ของตำแหน่ง DXS101 และอัลลีลที่ 10 ของตำแหน่ง DXS7130

คำนวณ X^2 ได้ดังนี้

$$O = 0$$

$$E = (0.0155 \times 0.0042 \times 332)$$

$$X^2 = \sum \frac{(O-E)^2}{E}$$

$$X^2 = \frac{[0 - (0.0110 \times 0.0042 \times 332)]^2}{(0.0110 \times 0.0042 \times 332)}$$

ดังนั้นได้ค่า X^2 เท่ากับ 0.0153

สมมติฐาน

H_0 : อัลลีลในตำแหน่ง DXS101 และตำแหน่ง DXS7130 มีการถ่ายทอดแบบเป็นอิสระต่อกัน

H_1 : อัลลีลในตำแหน่ง DXS101 และตำแหน่ง DXS7130 มีการถ่ายทอดแบบไม่เป็นอิสระต่อกัน

$$\text{Degree of Freedom} = (R-1)(C-1)$$

$$= (11-1)(9-1)$$

$$= 80$$

ค่าที่เปิดจากตาราง 101.879 (df = 80, ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05)

ค่าที่คำนวณได้ 88.614

ผลการวิเคราะห์ เนื่องจากค่าสถิติทดสอบที่คำนวณได้จากข้อมูล ($X^2 = 88.614$) มีค่าน้อยกว่าค่าเขตวิกฤตที่เปิดได้จากตารางไคสแควร์ ($X^2_{(80, 0.05)} = 101.879$) ดังนั้นจึงยอมรับ H_0 นั่นคืออัลลีลในตำแหน่งดีเอ็นเอทั้งสองมีการถ่ายทอดแบบเป็นอิสระต่อกัน ($p=0.242$)



ผลการทดสอบความเป็นอิสระต่อกันระหว่างตำแหน่ง DXS101 กับตำแหน่ง DXS7132 โดยการใช้สถิติ Chi-square test (X^2) ในการคำนวณ เพื่อเปรียบเทียบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมระหว่างตำแหน่ง DXS101 กับตำแหน่ง DXS7132 จำนวน 83 ตัวอย่าง (ตาราง 15)

ตาราง 15 แสดงลักษณะทางพันธุกรรม ระหว่าง ตำแหน่ง DXS101 กับ ตำแหน่ง DXS7132

Sample NO.	Genotype	
	DXS101	DXS7132*
1	21/24	14/15
2	25/26	13/15
3	26/28	14/14
4	24/26	12/13
5	24/24	13/14
6	24/26	13/14
7	23/25	14/15
8	24/29	14/14
9	24/26	14/15
10	24/25	15/15
11	25/27	12/13
12	24/27	12/14
13	27/27	15/15
14	24/25	15/16
15	24/25	12/13
16	23/26	13/16
17	25/25	12/14
18	23/24	14/15
19	25/28	13/15
20	25/25	14/15
21	25/27	14/16
22	23/27	14/15

ตาราง 15 (ต่อ)

Sample NO.	Genotype	
	DXS101	DXS7132*
23	24/27	13/14
24	24/27	14/14
25	26/26	13/14
26	23/25	14/15
27	24/25	14/14
28	21/26	14/15
29	21/25	14/16
30	24/25	14/15
31	25/25	14/16
33	22/23	14/14
34	24/26	13/13
35	19/25	12/15
36	25/27	13/15
37	24/24	12/14
38	22/24	13/15
39	22/24	14/15
40	27/28	14/14
41	24/25	15/16
42	24/25	13/14
43	24/24	14/17
44	26/26	13/13
45	23/27	12/15
46	24/24	15/15
47	25/26	14/16
48	25/25	14/14
49	25/26	13/14

ตาราง 15 (ต่อ)

Sample NO.	Genotype	
	DXS101	DXS7132*
50	23/26	13/15
51	24/26	14/16
52	25/29	13/13
53	24/26	13/13
54	24/25	13/15
55	19/25	13/15
56	24/30	14/14
57	23/25	15/16
58	26/28	14/15
59	24/25	14/15
60	28/29	12/13
61	24/25	13/14
62	24/25	12/14
63	25/27	13/15
70	25/26	12/13
71	21/22	13/15
72	22/23	14/15
73	24/25	12/14
74	23/25	14/14
75	23/27	13/16
77	22/25	13/15
78	24/25	13/15
80	22/23	13/15
81	19/25	14/14
82	22/26	14/14
83	25/26	13/14

ตาราง 15 (ต่อ)

Sample NO.	Genotype	
	DXS101	DXS7132*
84	24/25	11/14
85	24/28	14/14
96	25/27	13/15
97	21/25	16/16
98	25/27	13/15
99	24/28	13/14
100	23/25	14/15
101	26/28	12/14
115	23/24	14/14

หมายเหตุ * คือ Genotype ตำแหน่ง DXS7132 จากงานวิจัยของ นางสาวจันจิรา สนิท

จากตาราง 15 แสดงลักษณะทางพันธุกรรมที่พบในตำแหน่ง DXS101 และตำแหน่ง DXS7132 โดยทำการเปรียบเทียบจากตัวอย่าง DNA template หลอดเดียวกัน เพื่อจะทำการเปรียบเทียบการกระจายตัวของอัลลีลต่าง ๆ ที่พบ (Observed) ในตำแหน่ง DXS101 และตำแหน่ง DXS7132 ดังแสดงในตาราง 16 และทำการเปรียบเทียบการกระจายตัวของอัลลีลต่าง ๆ ที่ได้จากการคาดหวัง (Expected) ในตำแหน่ง DXS101 และตำแหน่ง DXS7132 ดังแสดงในตาราง 17 จากนั้นทำการคำนวณทางสถิติโดยใช้ Chi-square test (X^2) ได้ผลดังตาราง 18 ผลจากการวิเคราะห์ค่าที่ได้จากการคำนวณโดยใช้ Chi-square test พบว่า ตำแหน่ง DXS101 มีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมเป็นอิสระต่อกันกับตำแหน่ง DXS7132 (ระดับนัยสำคัญ 0.05)



ตาราง 16 แสดงการกระจายตัวของอัลลีลต่างๆ ที่พบ (Observed) ระหว่างตำแหน่ง DXS101 กับ ตำแหน่ง DXS7132 ในประชากรตัวอย่าง 83 ราย

DXS7132 DXS101	11	12	13	14	15	16	17	รวม	DXS101 Allele frequency
19	0	1	1	0	2	0	0		0.0110
21	0	0	1	3	3	3	0		0.0329
22	0	0	4	6	6	0	0		0.0365
23	0	1	4	12	10	3	0		0.0803
24	1	7	16	34	17	3	2		0.2153
25	1	8	19	31	23	10	0		0.2883
26	0	3	13	15	5	3	0		0.1496
27	0	3	7	8	10	2	0		0.0985
28	0	2	3	9	2	0	0		0.0547
29	0	1	3	4	0	0	0		0.0219
30	0	0	0	2	0	0	0		0.0110
รวม	2	26	76	124	78	24	2	332	
DXS7132* Allele frequency	0.0042	0.0958	0.2250	0.3708	0.2125	0.0875	0.0042		1

หมายเหตุ * คือ ค่าความถี่แต่ละอัลลีลของตำแหน่ง DXS7132 จากงานวิจัยของ นางสาวจันทร์จิรา สนิท

ตาราง 17 แสดงการกระจายตัวของอัลลีลต่างๆ ที่คาดหวัง (Expected) ระหว่างตำแหน่ง DXS101 กับ ตำแหน่ง DXS7132 ในประชากรตัวอย่าง 83 ราย

DXS7132 DXS101	11	12	13	14	15	16	17	DXS101 Allele frequency
19	0.0153	0.3499	0.8217	1.3542	0.7761	0.3196	0.0153	0.0110
21	0.0459	1.0464	2.4576	4.0502	2.3211	0.9557	0.0459	0.0329
22	0.0509	1.1609	2.7266	4.4934	2.5751	1.0603	0.0509	0.0365
23	0.1119	2.5539	5.998	9.8854	5.6652	2.3327	0.1119	0.0803
24	0.3002	6.8477	16.083	26.504	15.189	6.2545	0.3002	0.2153
25	0.4020	9.1696	21.536	35.491	20.339	8.3751	0.4020	0.2883
26	0.2086	4.7581	11.175	18.417	10.554	4.3459	0.2086	0.1496
27	0.1373	3.1329	7.3579	12.126	6.9492	2.8614	0.1373	0.0985
28	0.0763	1.7398	4.0861	6.7339	3.8591	1.5890	0.0763	0.0547
29	0.0305	0.6965	1.6359	2.6960	1.5450	0.6362	0.0305	0.0219
30	0.0153	0.3499	0.8217	1.3542	0.7761	0.3196	0.0153	0.0110
DXS7132* Allele frequency	0.0042	0.0958	0.2250	0.3708	0.2125	0.0875	0.0042	1

หมายเหตุ * คือ ค่าความถี่แต่ละอัลลีลของตำแหน่ง DXS7132 จากงานวิจัยของ นางสาวจินจิรา สนิท

ตาราง 18 ค่าที่ได้จากการคำนวณทางสถิติโดยใช้ Chi-square test ระหว่างตำแหน่ง DXS101 กับ ตำแหน่ง DXS7132 ในประชากรตัวอย่าง 83 ราย

DXS7132 DXS101	11	12	13	14	15	16	17	รวม	DXS101 Allele frequency
19	0.0153	1.2081	0.0387	1.3542	1.9304	0.3196	0.0153		0.0110
21	0.0459	1.0464	0.8645	0.2723	0.1986	4.3725	0.0459		0.0329
22	0.0509	1.1609	0.5948	0.5052	4.5553	1.0603	0.0509		0.0365
23	0.1119	0.9455	0.6658	0.4523	3.3169	0.1909	0.1119		0.0803
24	1.6312	0.0034	0.0004	2.1196	0.2158	1.6934	9.6240		0.2153
25	0.8895	0.1492	0.2986	0.5684	0.3479	0.3153	0.4020		0.2883
26	0.2086	0.6496	0.2980	0.6338	2.9229	0.4168	0.2086		0.1496
27	0.1373	0.0056	0.0174	1.4039	1.3394	0.2593	0.1373		0.0985
28	0.0763	0.0389	0.2887	0.7626	0.8956	1.5890	0.0763		0.0547
29	0.0305	0.1322	1.1374	0.6307	1.5450	0.6361	0.0305		0.0219
30	0.0153	0.3499	0.8217	0.3080	0.7761	0.3195	0.0153		0.0110
รวม	3.2127	5.6897	5.0259	9.011	18.044	11.173	10.718	62.874	
DXS7132* Allele frequency	0.0042	0.0958	0.2250	0.3708	0.2125	0.0875	0.0042		1

หมายเหตุ * คือ ค่าความถี่แต่ละอัลลีลของตำแหน่ง DXS7132 จากงานวิจัยของ นางสาวจันจิรา สนิท

Chi-square Test (X^2)

$$X^2 = \sum \frac{(O-E)^2}{E}$$

เมื่อ O = จำนวนที่พบ (คือการกระจายตัวของอัลลีลต่าง ๆ ในตัวอย่าง 83 ราย 332 อัลลีล)

E = (ความถี่ในอัลลีลนั้นของตำแหน่ง DXS101 x ความถี่ในอัลลีลนั้นของตำแหน่ง DXS7132 x จำนวนอัลลีลทั้งหมดที่ทำการตรวจสอบ)

ตัวอย่างเช่น ช่องแรกอัลลีลที่ 19 ของตำแหน่ง DXS101 และอัลลีลที่ 11 ของตำแหน่ง DXS7132

คำนวณ X^2 ได้ดังนี้

$$O = 0$$

$$E = (0.0110 \times 0.0042 \times 332)$$

$$X^2 = \sum \frac{(O-E)^2}{E}$$

$$X^2 = \frac{[0 - (0.0110 \times 0.0042 \times 332)]^2}{(0.0110 \times 0.0042 \times 332)}$$

ดังนั้นได้ค่า X^2 เท่ากับ 0.0153

สมมติฐาน

H_0 : อัลลีลในตำแหน่ง DXS101 และตำแหน่ง DXS7132 มีการถ่ายทอดแบบเป็นอิสระต่อกัน

H_1 : อัลลีลในตำแหน่ง DXS101 และตำแหน่ง DXS7132 มีการถ่ายทอดแบบไม่เป็นอิสระต่อกัน

$$\text{Degree of Freedom} = (R-1)(C-1)$$

$$= (11-1)(7-1)$$

$$= 60$$

ค่าที่เปิดจากตาราง 79.082 (df = 60, ที่ระดับนัยสำคัญ 0.05)

ค่าที่คำนวณได้ 62.874

ผลการวิเคราะห์ เนื่องจากค่าสถิติทดสอบที่คำนวณได้จากข้อมูล ($X^2 = 62.874$) มีค่าน้อยกว่าค่าเขตวิกฤตที่เปิดได้จากตารางไคสแควร์ ($X^2_{(60, 0.05)} = 79.082$) ดังนั้นจึงยอมรับ H_0 นั่นคืออัลลีลในตำแหน่งดีเอ็นเอทั้งสองมีการถ่ายทอดแบบเป็นอิสระต่อกัน ($p=0.376$)