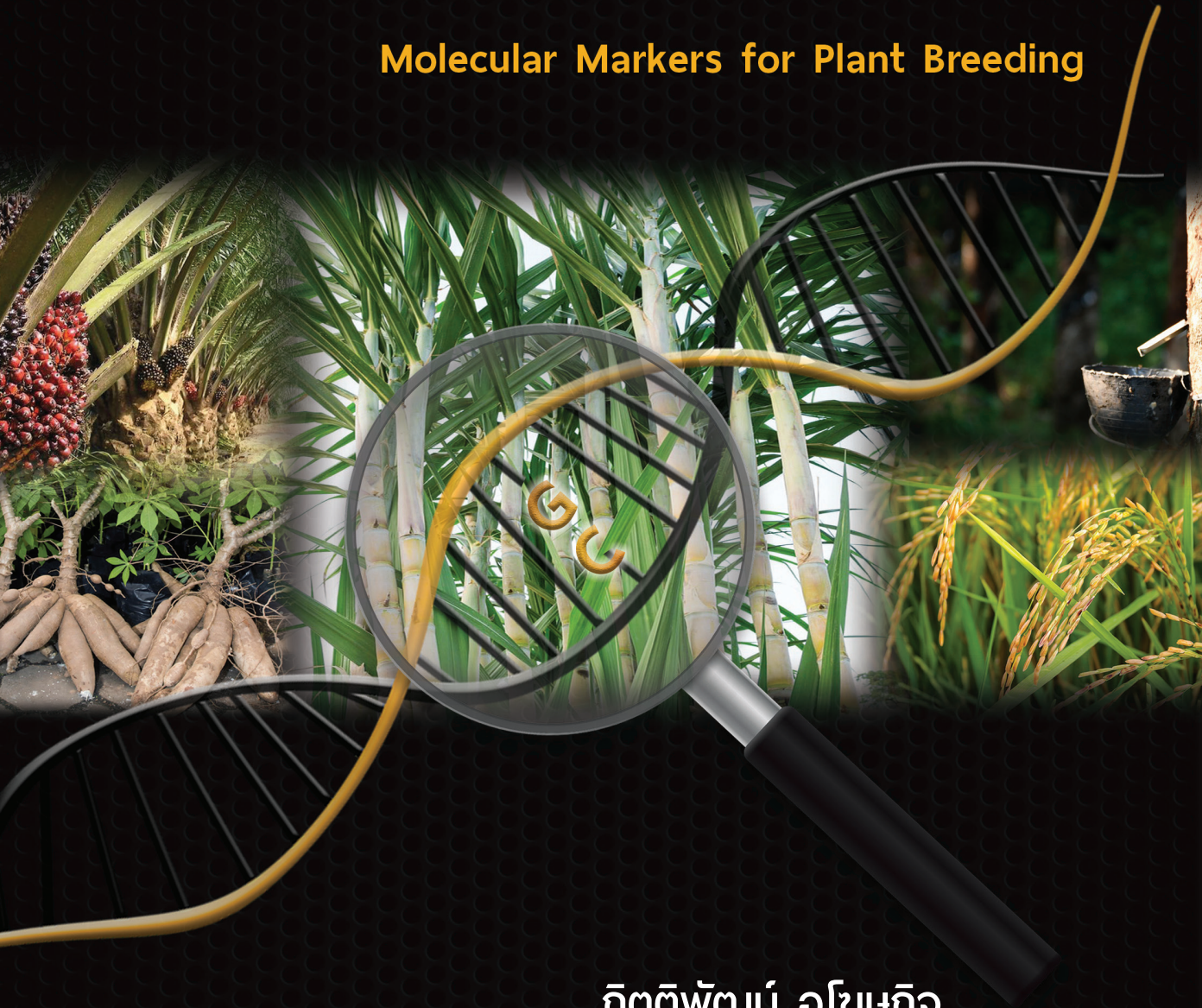




สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

เครื่องหมายโมเลกุล เพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืช

Molecular Markers for Plant Breeding



กิตติพัฒน์ อุโฆษกิจ

หนังสือที่ได้รับทุนสนับสนุนการเขียนตำราจากมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ พ.ศ. 2561

เครื่องหมายโมเลกุลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืช

Molecular Markers for Plant Breeding



ถ่ายเอกสารแทนการใช้หนังสือ
คือการทำลายภูมิปัญญาสร้างสรรค์

เครื่องหมายโมเลกุลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืช

Molecular Markers for Plant Breeding

กิตติพัฒน์ อุโฆษกิจ

รองศาสตราจารย์

สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ

คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

2564

หนังสือที่ได้รับทุนสนับสนุนการเขียนตำราจากมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ พ.ศ. 2561

กิตติพัฒน์ อุโฆษกิจ.

เครื่องหมายโมเลกุลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืช = *Molecular Markers for Plant Breeding*.

1. การปรับปรุงพันธุ์พืช. 2. พันธุศาสตร์ระดับโมเลกุล. 3. ตัวบ่งชี้พันธุกรรม.
4. สถิติพันธุศาสตร์.

SB123.57

ISBN 978-616-314-685-4

ISBN (E-BOOK) 978-616-314-686-1

ลิขสิทธิ์ของรองศาสตราจารย์ ดร.กิตติพัฒน์ อุโฆษกิจ

สงวนลิขสิทธิ์

ฉบับพิมพ์ครั้งที่ 1 เดือนเมษายน 2564

จำนวน 100 เล่ม (ฉบับพิมพ์เพิ่ม)

ฉบับอิเล็กทรอนิกส์ (e-book) กุมภาพันธ์ 2564

จัดพิมพ์และจัดจำหน่ายโดยสำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

ท่าพระจันทร์: อาคารธรรมศาสตร์ 60 ปี ชั้น U1 มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

ถนนพระจันทร์ กรุงเทพฯ 10200 โทร. 0-2223-9232

ศูนย์รังสิต: อาคารโคมบริหาร ชั้น 3 ห้อง 317 มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

ตำบลคลองหนึ่ง อำเภอคลองหลวง จังหวัดปทุมธานี 12121

โทร. 0-2564-2859-60 โทรสาร 0-2564-2860

<http://www.thammasatpress.tu.ac.th>, e-mail: unipress@tu.ac.th

พิมพ์ที่โรงพิมพ์มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

ผู้ออกแบบปก: สรिता อุโฆษกิจ

พิมพ์ครั้งที่ 1 เดือนกุมภาพันธ์ 2564 จำนวน 5 เล่ม

พิมพ์ครั้งที่ 1 เดือนเมษายน 2564 จำนวน 100 เล่ม (ฉบับพิมพ์เพิ่ม)

ราคาเล่มละ 570.- บาท

สารบัญ

คำนำ	(12)
บทที่ 1 พันธุศาสตร์กับการปรับปรุงพันธุ์พืช	1
1.1 ความก้าวหน้าที่สำคัญของการปรับปรุงพันธุ์พืช	1
1.1.1 การผสมพันธุ์พืช	1
1.1.2 พันธุศาสตร์ของเมนเดล	2
1.1.3 การคัดเลือก	2
1.1.4 รูปแบบการปรับปรุงพันธุ์และพอลิพลอยดีดี (polyploidy)	2
1.1.5 ความหลากหลายทางพันธุกรรมและการอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรม	3
1.1.6 พันธุศาสตร์ปริมาณและปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์ กับสภาพแวดล้อม	3
1.1.7 ลักษณะดีเด่นเหนือพ่อแม่ (heterosis) และการปรับปรุงพันธุ์ลูกผสม	4
1.1.8 การปรับปรุงประชากร	5
1.1.9 การเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อและความผันแปรทางพันธุกรรม อันเกิดจากการเพาะเลี้ยงเนื้อ (somaclonal variation)	5
1.1.10 พันธุวิศวกรรมและการถ่ายยีน	6
1.1.11 เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA marker) และการศึกษาจีโนม (genomics)	7
1.2 ความแปรปรวนทางพันธุกรรม	7
1.2.1 ครอสซิงโอเวอร์ จีเนติกดริฟท์ และการถ่ายเทยีน (crossing over, genetic drift และ gene flow)	8
1.2.2 การกลายพันธุ์	8
1.3 ลักษณะปริมาณ ความแปรปรวน อัตราพันธุกรรมและดัชนีการคัดเลือก	10
1.3.1 ลักษณะคุณภาพและลักษณะปริมาณ	11
1.3.2 ความถี่แอลลีลและความถี่จีโนไทป์	12
1.3.3 สมดุลทางพันธุกรรม ของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก (Hardy-Weinberg equilibrium)	12
1.3.4 ค่าเฉลี่ยและค่าความแปรปรวนของประชากร	13
1.3.5 อัตราพันธุกรรม (Heritability)	14

1.3.6	การตอบสนองต่อการคัดเลือก	15
1.3.7	ดัชนีการคัดเลือก และการคัดเลือกหลายลักษณะ	17
1.3.8	สมรรถนะการรวมตัว (combining ability)	19
1.3.9	การคัดเลือกแบบวงจร (recurrent selection)	20
1.4	การปรับปรุงพันธุ์พืชระดับโมเลกุล (Molecular Plant Breeding)	21
บทที่ 2	เครื่องหมายดีเอ็นเอ (DNA Marker)	24
2.1	บทนำ	24
2.2	เครื่องหมายที่วิเคราะห์ความแตกต่างของลำดับเบส และถ่ายทอดพันธุกรรมแบบข่มร่วม	27
2.2.1	เครื่องหมายที่วิเคราะห์ความแตกต่างจุดตัดเอนไซม์ โดยใช้กระบวนการไฮบริไดเซชัน	27
2.2.2	เครื่องหมายที่วิเคราะห์ความแตกต่างลำดับเบสภายในชั้นดีเอ็นเอ จำเพาะโดยใช้ปฏิกิริยาพีซีอาร์	36
2.3	เครื่องหมายวิเคราะห์ความแตกต่างลำดับเบสซ้ำ และถ่ายทอดพันธุกรรมแบบข่มร่วม	57
2.4	เครื่องหมายวิเคราะห์ความแตกต่างลำดับเบส และถ่ายทอดพันธุกรรมแบบข่มสมบูรณ์	61
2.4.1	เครื่องหมายวิเคราะห์ความแตกต่างของตำแหน่ง จับไพรเมอร์ที่มีลำดับเบสแบบสลับ	61
2.4.2	เครื่องหมายวิเคราะห์ความแตกต่างของจุดตัดเอนไซม์ร่วมกับ ความแตกต่างตำแหน่งจับของไพรเมอร์ที่มีลำดับเบสสลับ	65
2.5	เครื่องหมายวิเคราะห์ความแตกต่างจำนวนชุดลำดับเบสซ้ำ และถ่ายทอดพันธุกรรมแบบข่มสมบูรณ์	68
2.5.1	เครื่องหมายวิเคราะห์ความแตกต่างลำดับเบสที่อยู่ระหว่าง ลำดับเบสซ้ำโดยใช้ไพรเมอร์ที่มีลำดับเบสซ้ำและลำดับเบสสลับ	68
2.5.2	เครื่องหมายวิเคราะห์มินิแซเทลไลต์ (minisatellite) โดยใช้กระบวนการไฮบริไดเซชัน	69

บทที่ 3	การวิเคราะห์ลำดับเบสยุคใหม่ (Next Generation Sequencing)	71
3.1	บทนำ	71
3.2	เทคโนโลยีการวิเคราะห์ลำดับเบสยุคที่สอง	73
3.2.1	454/Roche genome sequencer	73
3.2.2	Illumina Genome Analyzer	77
3.2.3	Applied Biosystems SOLiD™ Sequencer	80
3.2.4	Ion Torrent/ Life technology	83
3.3	เทคโนโลยีการวิเคราะห์ลำดับเบสยุคที่สาม	85
3.3.1	Pacific Biosciences	85
3.3.2	การวิเคราะห์ลำดับเบสด้วยนาโนพอร์ (nanopore)	87
บทที่ 4	การสร้างแผนที่พันธุกรรม (Genetic Mapping)	90
4.1	บทนำ	90
4.2	การสร้างแผนที่พันธุกรรมในพืชดิลอยด์	95
4.2.1	การสร้างประชากรลูกผสมกระจายตัว	95
4.2.2	ชนิดของประชากรลูกผสมที่ใช้ในการสร้างแผนที่พันธุกรรม	97
4.2.3	ขนาดของประชากรลูกผสมที่ใช้ในการสร้างแผนที่พันธุกรรม	106
4.2.4	การวิเคราะห์ข้อมูลเพื่อสร้างแผนที่พันธุกรรม	107
4.3	การสร้างแผนที่พันธุกรรมในพืชอโดพอลิพลอยด์	130
4.4	ข้อควรทราบเกี่ยวกับแผนที่พันธุกรรม	139
4.4.1	ผลของข้อมูลจีโนมที่ผิดพลาดต่อแผนที่พันธุกรรม	139
4.4.2	ขนาดประชากรลูกผสม	141
4.4.3	การอิ่มตัวของแผนที่พันธุกรรม (saturation of genetic map)	141
4.4.4	ปัจจัยที่มีผลต่อความยาวแผนที่พันธุกรรม	143
4.4.5	ความสัมพันธ์ระหว่างระยะทางพันธุกรรมกับระยะทางกายภาพ	144
4.4.6	แผนที่พันธุกรรมเชิงเปรียบเทียบ (comparative mapping)	145

บทที่ 5	การวิเคราะห์แผนที่ยีนควบคุมลักษณะคุณภาพ	
	(Mapping of Qualitative Trait Locus)	147
5.1	บทนำ	147
5.2	การใช้สายพันธุ์คู่แฝด (Near Isogenic Line)	148
5.3	วิธีการวิเคราะห์แบบแยกกลุ่ม (Bulked Segregant Analysis หรือ BSA)	149
บทที่ 6	การวิเคราะห์แผนที่ยีนควบคุมลักษณะปริมาณ	
	(Mapping of Quantitative Trait Loci)	157
6.1	บทนำ	157
6.2	การวิเคราะห์แบบเครื่องหมายเดี่ยว (Single Marker Analysis)	161
6.2.1	การวิเคราะห์ t-test	166
6.2.2	การวิเคราะห์ความแปรปรวน (Analysis of Variance; ANOVA)	169
6.2.3	การวิเคราะห์การถดถอย (regression analysis)	171
6.2.4	การวิเคราะห์ภาวะควรจะเป็น (likelihood approach)	172
6.3	การวิเคราะห์แบบช่วงระหว่างสองเครื่องหมาย (Interval Mapping; IM)	174
6.4	การวิเคราะห์ช่วงระหว่างสองเครื่องหมายแบบประกอบ (Composite Interval Mapping; CIM)	182
6.5	ปัจจัยที่เกี่ยวข้องกับการวิเคราะห์ตำแหน่งยีนควบคุมลักษณะปริมาณ	185
6.5.1	ประสิทธิภาพของการตรวจพบ (detection power) และความแปรปรวนของฟีโนไทป์เมื่อจัดกลุ่มลูกผสมด้วยจีโนไทป์ เดียวกัน (within class variation)	185
6.5.2	ขนาดประชากรลูกผสมและความหนาแน่นของเครื่องหมาย ในแผนที่พันธุกรรม	189
6.5.3	ความเบี่ยงเบนของข้อมูลฟีโนไทป์จากการกระจายตัวแบบโค้งปกติ	189
6.5.4	ตำแหน่งของยีนควบคุมลักษณะปริมาณ	189
6.5.5	อิทธิพลของยีนควบคุมลักษณะปริมาณต่อความแปรปรวนฟีโนไทป์	192
6.5.6	การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างฟีโนไทป์ลักษณะปริมาณ	194
6.5.7	การวิเคราะห์ตำแหน่งยีนควบคุมลักษณะปริมาณโดยเทคนิคการเลือก ผสมรวมดีเอ็นเอ (selective DNA pooling)	196

บทที่ 7	การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและพันธุศาสตร์ประชากร	200
7.1	บทนำ	200
7.2	ความสำคัญของความหลากหลายทางพันธุกรรม	203
7.3	เชื้อพันธุกรรม (Germplasm)	204
7.3.1	ชนิดเชื้อพันธุกรรม	206
7.3.2	การอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรม	208
7.3.3	การเก็บรวบรวมเชื้อพันธุกรรม	210
7.3.4	เชื้อพันธุกรรมหลัก (core collection)	211
7.4	การประเมินเชื้อพันธุกรรม	212
7.4.1	พื้นฐานพันธุศาสตร์ประชากร	214
7.4.2	ปัจจัยที่มีผลต่อการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างพันธุกรรม ของประชากร	219
7.4.3	การใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอในการศึกษาความหลากหลาย ทางพันธุกรรม	226
7.4.4	การศึกษาโครงสร้างประชากร (population structure)	244
7.4.5	การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม	254
7.4.6	การจัดกลุ่มแสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (clustering)	259
บทที่ 8	การวิเคราะห์แผนที่ความสัมพันธ์ (Association Mapping)	270
8.1	บทนำ	270
8.2	การวัดความไม่สมดุลของลิงเกจ	274
8.3	การแสดงค่าและระดับนัยสำคัญของความไม่สมดุลของลิงเกจ	280
8.4	ปัจจัยทางชีววิทยาที่มีผลต่อความไม่สมดุลของลิงเกจ	282
8.5	ปัจจัยทางวิวัฒนาการที่มีผลต่อความไม่สมดุลของลิงเกจ	286
8.6	วิธีการวิเคราะห์แผนที่ความสัมพันธ์	289
8.6.1	การใช้ประชากรลูกผสมก้าวหน้าจากการผสมพ่อแม่หลายสายพันธุ์ (multiparent advanced generation intercross; MAGIC)	289
8.6.2	กลุ่มศึกษา-กลุ่มควบคุม (case-control; CC)	290
8.6.3	การทดสอบการถ่ายทอดความไม่สมดุล (transmission disequilibrium test; TDT)	291

8.6.4 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์แบบมีโครงสร้าง (structured association)	293
8.7 ประสิทธิภาพการวิเคราะห์แผนที่ความสัมพันธ์	295
8.8 การวิเคราะห์จีโนมโทสำหรับการวิเคราะห์แผนที่ความสัมพันธ์	298
8.8.1 เครื่องหมายสำหรับการวิเคราะห์โครงสร้างพันธุกรรมประชากร	298
8.8.2 เครื่องหมายจากยีนที่เกี่ยวข้อง (candidate gene)	299
8.8.3 เครื่องหมายทั้งจีโนม	300
8.9 การวิเคราะห์ฟีโนไทป์สำหรับการวิเคราะห์แผนที่ความสัมพันธ์	302

บทที่ 9 การใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการคัดเลือก

(Marker-Assisted Selection; MAS)	303
9.1 บทนำ	303
9.2 ข้อควรทราบของการใช้เครื่องหมายในการคัดเลือก	304
9.2.1 ข้อดีของการใช้เครื่องหมายในการคัดเลือก	304
9.2.2 ข้อควรพิจารณาการใช้เครื่องหมายในการคัดเลือก	304
9.3 องค์ประกอบของการใช้เครื่องหมายในการคัดเลือก	307
9.3.1 ระบบเครื่องหมาย	307
9.3.2 กิจกรรมที่เกี่ยวข้องกับการใช้เครื่องหมายในการคัดเลือก	309
9.3.3 ระบบการจัดการข้อมูล	310
9.4 การใช้เครื่องหมายในการคัดเลือกเพื่อการถ่ายทอดยีนหลัก (Marker-Assisted Major Gene Introgression)	310
9.4.1 การใช้เครื่องหมายในการคัดเลือกยีนเป้าหมาย (marker-assisted foreground selection)	315
9.4.2 การใช้เครื่องหมายในการคัดเลือกพื้นหลัง (marker-assisted background selection)	319
9.4.3 การกำจัดยีนอื่นที่ไม่ต้องการซึ่งลิงก์กับยีนเป้าหมาย (linkage drag)	322
9.4.4 อิทธิพลของขนาดจีโนมต่อการคัดเลือกเพื่อการถ่ายทอดยีนหลัก	325
9.5 การใช้เครื่องหมายคัดเลือกเพื่อการรวมหลายยีน (Marker-Assisted Gene Pyramiding)	326

9.6 การใช้เครื่องหมายคัดเลือกลักษณะปริมาณ	329
9.6.1 การคัดเลือกลักษณะปริมาณโดยใช้จีโนไทป์เครื่องหมาย	331
9.6.2 การคัดเลือกลักษณะปริมาณโดยใช้คะแนนเครื่องหมาย	334
9.6.3 การคัดเลือกลักษณะปริมาณโดยใช้ดัชนีการคัดเลือก (index selection)	337
9.6.4 การใช้เครื่องหมายคัดเลือกลักษณะปริมาณในพืชผสมตัวเอง	339
9.7 การใช้เครื่องหมายในการประเมิน เก็บรักษา และใช้แหล่งพันธุกรรม	339
9.8 ข้อจำกัดของการใช้เครื่องหมายในการคัดเลือกลักษณะปริมาณ	340
บทที่ 10 การคัดเลือกจีโนม (Genomic Selection)	342
10.1 บทนำ	342
10.2 การคัดเลือกจีโนมช่วยในการประมาณค่าการผสมพันธุ์	345
10.3 ขั้นตอนการคัดเลือกจีโนม	346
10.4 ตัวแบบสถิติสำหรับการคัดเลือกจีโนม	349
10.5 ปัจจัยที่มีผลกระทบต่อความแม่นยำการทำนายของตัวแบบสถิติ	353
10.5.1 ความหนาแน่นของเครื่องหมายและความไม่สมดุลของลิงเกจ	353
10.5.2 ตัวแบบสถิติ	355
10.5.3 จำนวนตัวอย่างและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม	356
10.5.4 อิทธิพลของยีน	356
10.5.5 อัตราพันธุกรรมและองค์ประกอบยีนที่ควบคุมลักษณะปริมาณ	357
10.6 ข้อควรพิจารณาการคัดเลือกจีโนมในการปรับปรุงพันธุ์พืช	358
บรรณานุกรม	360
ดัชนี	380

คำนำ

ประชากรโลกได้เพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็วในขณะที่พื้นที่ผลิตอาหารกลับลดลง อันเนื่องจากการขยายพื้นที่อุตสาหกรรมและที่อยู่อาศัย ขณะเดียวกันพื้นที่ดินที่ไม่เหมาะสมต่อการเกษตรกรรมมีมากขึ้น เกิดจากสภาวะเครียดต่างๆ ทั้งปัจจัยจากธรรมชาติที่ไม่เหมาะสม (abiotic stress) และปัจจัยที่เกิดจากสิ่งมีชีวิตที่เป็นศัตรูพืช (biotic stress) ปัจจุบันนี้ วิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีมีบทบาทสำคัญในการสร้างความมั่นคงทางอาหารอย่างยั่งยืน โดยไม่ส่งผลกระทบต่อระบบนิเวศ การปรับปรุงพันธุ์พืชเพื่อให้ได้พืชที่มีลักษณะดี ตอบสนองทันต่อความต้องการของสังคม จึงต้องการกระบวนการที่มีความแม่นยำ ลดระยะเวลาและทรัพยากรในการใช้พัฒนาพืชพันธุ์ใหม่

การปรับปรุงพันธุ์พืชเป็นเทคโนโลยีที่พัฒนามาจากความรู้ทางวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มีวิวัฒนาการมากกว่า 10,000 ปี เริ่มจากการใช้ทักษะการคัดเลือกพืชที่ต้องการอย่างง่าย โดยใช้แนวคิดแบบคิลป์ ต่อมามีการใช้ความรู้พันธุศาสตร์พื้นฐาน จนถึงพันธุศาสตร์ในระดับโมเลกุล เข้ามาช่วยในการปรับปรุงพันธุ์พืช ด้วยเทคโนโลยีใหม่ๆ ที่ก้าวหน้า ทำให้การพัฒนาเครื่องหมายโมเลกุลสามารถทำได้มากมายหลายชนิดในเวลาอันรวดเร็ว ช่วยให้การปรับปรุงพันธุ์พืชสามารถดำเนินงานได้อย่างรวดเร็ว ง่าย และมีประสิทธิภาพมากขึ้น เมื่อเทียบกับการใช้วิธีการปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีมาตรฐานทั่วไปเพียงอย่างเดียว นักปรับปรุงพันธุ์พืชสามารถที่จะวิเคราะห์และสร้างความแปรปรวนทางพันธุกรรม ค้นหาและหน้าที่การทำงานของยีน ศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างการทำงานของยีนกับสภาพแวดล้อม และการทำงานร่วมกับยีนอื่น เข้าใจถึงการถ่ายทอดพันธุกรรมและโครงสร้างประชากรสำหรับการปรับปรุงพันธุ์พืช เพื่อสามารถรวมแอลลีลใหม่ๆ ที่ต้องการเข้าไปในพืชที่ต้องการปรับปรุงพันธุ์ ทั้งยังสามารถคัดเลือกพืชที่มีลักษณะดีที่สุดและมีพันธุกรรมที่ต้องการ เพื่อให้พืชสามารถปรับตัวเข้ากับสภาพแวดล้อมได้อย่างกว้างขวาง หนังสือเล่มนี้แต่งและรวบรวมขึ้นจากหลักทฤษฎีทางพันธุศาสตร์เมนเดล พันธุศาสตร์โมเลกุล พันธุศาสตร์ปริมาณ พันธุศาสตร์ประชากร หลักการปรับปรุงพันธุ์พืช และสถิติที่เกี่ยวข้องกับพันธุศาสตร์ รวมทั้งจากประสบการณ์ของผู้แต่งในการทำวิจัยเกี่ยวกับการใช้เครื่องหมายโมเลกุลเพื่อการปรับปรุงพันธุ์พืช

เนื้อหาหนังสือเล่มนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อใช้ประกอบการเรียนแก่นิสิต นักศึกษา และการทำงานของนักปรับปรุงพันธุ์พืชที่มีความรู้พื้นฐานพันธุศาสตร์และการปรับปรุงพันธุ์พืช ซึ่งจะช่วยให้เข้าใจถึงความเชื่อมโยงของหลักทฤษฎีทางพันธุศาสตร์ในแขนงต่างๆ และสถิติที่เกี่ยวข้องกับพันธุศาสตร์ ในการนำมาประยุกต์ใช้ปรับปรุงพันธุ์พืช เพื่อให้การปรับปรุงพันธุ์พืชด้วย

เครื่องหมายโมเลกุลมีประสิทธิภาพสูงที่สุด เนื้อหาของหนังสือเล่มนี้มีทั้งหมด 10 บท บทที่ 1 กล่าวถึงความรู้พื้นฐานทางพันธุศาสตร์แขนงต่าง ๆ ที่เกี่ยวข้องกับการปรับปรุงพันธุ์พืช ซึ่งเป็นพื้นฐานที่จำเป็นสำหรับนักศึกษาในบทต่อ ๆ ไปของหนังสือเล่มนี้ ในกรณีที่ผู้ศึกษาต้องการพื้นฐานทางพันธุศาสตร์อย่างละเอียด สามารถศึกษาเพิ่มเติมจากหนังสือที่อ้างอิงในบรรณานุกรม บทที่ 2 และ บทที่ 3 กล่าวถึงเทคโนโลยีเครื่องหมายดีเอ็นเอ ตั้งแต่ยุคเริ่มต้นของเทคนิคที่สามารถให้ข้อมูลเครื่องหมายจำนวนน้อย แต่ใช้เวลาและทรัพยากรในการปฏิบัติงานมาก จนถึงยุคเทคโนโลยีแบบอัตโนมัติขั้นสูงของการพัฒนาเครื่องหมายดีเอ็นเอ ที่สามารถผลิตข้อมูลเครื่องหมายจำนวนมากในเวลาที่รวดเร็ว และใช้ทรัพยากรต่อหน่วยข้อมูลที่ถูกลง บทที่ 4 ถึงบทที่ 6 ครอบคลุมเนื้อหาการค้นหาเครื่องหมายที่สัมพันธ์กับฟีโนไทป์ โดยใช้ประชากรลูกผสมที่เกิดจากการวางแผนการผสมพันธุ์ระหว่างพันธุ์พ่อแม่ มีขั้นตอนตั้งแต่การสร้างแผนที่พันธุกรรม การวิเคราะห์แผนที่ยีนควบคุมลักษณะคุณภาพและลักษณะปริมาณ บทที่ 7 และ บทที่ 8 กล่าวถึงการค้นหาเครื่องหมายที่สัมพันธ์กับฟีโนไทป์ โดยใช้ประชากรที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรม มีการอธิบายถึงเชื้อพันธุกรรมพืช พันธุศาสตร์ประชากร และการวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการวิเคราะห์แผนที่ความสัมพันธ์ บทที่ 9 กล่าวถึงการใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการคัดเลือกลักษณะคุณภาพและลักษณะปริมาณ และบทที่ 10 กล่าวถึงการคัดเลือกจีโนม โดยใช้เครื่องหมายจำนวนมากที่กระจายทั่วทั้งจีโนม เพื่อการทำนายฟีโนไทป์ลักษณะปริมาณในประชากรที่กำลังคัดเลือก

หนังสือเล่มนี้จัดทำขึ้นเป็นครั้งแรกโดยได้รับทุนสนับสนุนการเขียนตำราจากมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ พ.ศ. 2561 ผู้เขียนขอขอบพระคุณเป็นอย่างสูงที่ได้รับความกรุณาจาก ศาสตราจารย์เกียรติคุณ ดร.พีระศักดิ์ ศรีนิเวศน์ และ ศาสตราจารย์ ดร.ศุภจิตรา ชัชวาลย์ ในการแนะนำแก้ไขข้อบกพร่องที่ทำให้หนังสือเล่มนี้มีความสมบูรณ์มากที่สุด ข้อบกพร่องใดๆ ที่ยังมีในหนังสือเล่มนี้ ผู้เขียนยินดียอมรับและพร้อมที่จะแก้ไขหากได้รับคำแนะนำเพิ่มเติมในอนาคต และหวังว่าหนังสือเล่มนี้จะเป็นประโยชน์แก่ผู้ที่สนใจการใช้เครื่องหมายโมเลกุลในการปรับปรุงพันธุ์พืช

กิตติพัฒน์ อุโฆษกิจ

สาขาวิชาเทคโนโลยีชีวภาพ

คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

มกราคม 2564

พันธุศาสตร์กับการปรับปรุงพันธุ์พืช

1.1 ความก้าวหน้าที่สำคัญของการปรับปรุงพันธุ์พืช

ในปัจจุบันนี้ นักปรับปรุงพันธุ์พืชใช้วิธีการที่หลากหลายในการใช้ประโยชน์จากการค้นหาคความแตกต่างทางพันธุกรรมในพืชชนิดต่าง ๆ การที่นักปรับปรุงพันธุ์พืชสามารถทำเช่นนี้ได้เนื่องจากความสามารถในการวิเคราะห์การถ่ายทอดลักษณะพันธุกรรมพื้นฐานที่สำคัญของการปรับปรุงพันธุ์พืช ในบทนี้เป็นการกล่าวโดยสังเขปถึงประวัติความก้าวหน้าที่สำคัญของการปรับปรุงพันธุ์พืชและพันธุศาสตร์ที่เกี่ยวข้องกับการปรับปรุงพันธุ์พืช

1.1.1 การผสมพันธุ์พืช

ในปี 1694 คาเมอรารีเยส (Camerarius) ชาวเยอรมันรายงานเกี่ยวกับระบบสืบพันธุ์ในพืชเป็นครั้งแรก โดยพบว่า ข้าวโพดมีทั้งดอกตัวผู้และดอกตัวเมีย และสามารถควบคุมการผสมข้ามให้เกิดข้าวโพดลูกผสมได้ และพบว่า เมล็ดไม่สามารถที่จะเกิดขึ้นได้ถ้าไม่มีการผสมกันระหว่างละอองเกสรตัวผู้กับดอกตัวเมียของข้าวโพด การทดลองการผสมพันธุ์ครั้งแรกของนักวิทยาศาสตร์ทำในข้าวสาลีโดย แฟร์ไชลด์ (Fairchild) ชาวอเมริกัน ในปี 1719 ส่วนเทคนิคการผสมพันธุ์ในปัจจุบันส่วนใหญ่มีพื้นฐานมาจากงานของ โคลรูตเตอร์ (Kolruter; 1733–1806) ชาวเยอรมัน ซึ่งทำการทดลองการผสมพันธุ์ในปี 1760 การผสมพันธุ์พืชได้ทำให้นักปรับปรุงพันธุ์พืชสามารถก้าวข้ามข้อจำกัดในการทำงานกับประชากรที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมจำกัด ความเข้าใจในระบบสืบพันธุ์ของพืชทำให้นักปรับปรุงพันธุ์พืชสามารถจับคู่ผสมของพืชเพื่อให้ได้ลูกผสมที่สามารถขยายพันธุ์ได้ และสามารถรวมลักษณะของพันธุ์พ่อและแม่เข้าไว้ด้วยกันได้ การผสมข้ามระหว่างพันธุ์พ่อและพันธุ์แม่มีประโยชน์อย่างมากต่อการปรับปรุงพันธุ์พืช เนื่องจากสามารถกำหนดให้พืชมีฟีโนไทป์ตามที่ต้องการได้ ดังนั้นโครงการปรับปรุงพันธุ์พืชในปัจจุบันนี้จึงเกี่ยวข้องกับการผสมพันธุ์พืชเป็นหลัก

1.1.2 พันธุศาสตร์ของเมนเดล

เมนเดล (Mendel) เป็นนักวิทยาศาสตร์ชาวออสเตรียที่ถือว่าเป็นบิดาแห่งวิชาพันธุศาสตร์ เป็นผู้ที่วางรากฐานที่สำคัญของการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมในพืช จากการทดลองการผสมพันธุ์ถั่วลันเตาในปี 1865 เมนเดลค้นพบการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมของลักษณะต่าง ๆ โดยพบว่า ลักษณะต่าง ๆ ถูกควบคุมโดยหน่วยพันธุกรรมที่สามารถถ่ายทอดจากพ่อแม่ไปยังลูกได้ ผลงานของเมนเดลนับได้ว่ามีความก้าวหน้าอย่างมากในยุคนั้นเนื่องจากหลังจากที่เขาได้ทำการทดลองเสร็จถึง 35 ปีจึงได้มีนักวิทยาศาสตร์ค้นพบและเข้าใจการทดลองของเขา โดย ฮูโก เดอ ฟรี (Hugo de Vries) ชาวเนเธอร์แลนด์ คาร์ล คอร์เรนส์ (Carl Correns) ชาวเยอรมัน และ อีริคซ์ วอน เซอร์มาค (Erich von Tschermak) ชาวออสเตรีย

1.1.3 การคัดเลือก

ในปี 1859 ชาร์ล ดาร์วิน (Charles Darwin) ชาวอังกฤษ ได้เสนอทฤษฎีกำเนิดของชนิด (species) ว่าด้วยเรื่องการคัดเลือกโดยธรรมชาติซึ่งเป็นกลไกที่สำคัญของการวิวัฒนาการ การปรับตัวของสิ่งมีชีวิตที่อยู่ในประชากรเพื่อให้เข้ากับสภาพแวดล้อมเป็นผลจากการคัดเลือกโดยธรรมชาติ และกระบวนการนี้เกิดขึ้นอย่างต่อเนื่องเป็นเวลายาวนานจนนำไปสู่การกำเนิดของชนิดใหม่ ทฤษฎีวิวัฒนาการที่เกิดจากการคัดเลือกโดยธรรมชาตินี้มีสมมุติฐานที่ว่า พืชสามารถเกิดการเปลี่ยนแปลงได้เป็นลำดับจากการคัดเลือกโดยธรรมชาติทำให้เกิดความแตกต่างของพืชในประชากร ทฤษฎีนี้มีความเกี่ยวข้องโดยตรงกับการปรับปรุงพันธุ์พืช

1.1.4 รูปแบบการปรับปรุงพันธุ์และพอลิพลอยด์ตี (polyploidy)

ประวัติของการปรับปรุงพันธุ์พืช เกี่ยวข้องกับการปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีคัดเลือกพันธุ์แบบจุดประวัตติ์ การปรับปรุงพันธุ์โดยวิธีผสมกลับ การปรับปรุงพันธุ์โดยการชักนำการกลายพันธุ์ นอกจากนี้ยังมีการสร้างพืชพอลิพลอยด์ได้ทั้งจากธรรมชาติและสร้างโดยนักปรับปรุงพันธุ์ เบลคส์ลี และ เอเวรี (Blakeslee และ Avery, 1937) ชาวอเมริกัน ได้แสดงให้เห็นถึงประโยชน์ของการใช้สารโคลิซิซิน (colchicine) ชักนำให้เกิดการเพิ่มขึ้นของจำนวนโครโมโซม

หนึ่งเท่าตัวและการสร้างพืชพอลิพลอยด์ ทำให้นักปรับปรุงพันธุ์สามารถรวมชุดโครโมโซมสองชุดหรือมากกว่า เพื่อพัฒนาให้เป็นพืชพันธุ์ใหม่ได้

1.1.5 ความหลากหลายทางพันธุกรรมและการอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรม

ในปี 1967 เซอร์ ออทโต แฟรงเกิล (Sir Otto Frankel) ชาวออสเตรเลียน เป็นคนแรกที่ได้ตระหนักถึงความสำคัญของความหลากหลายทางพันธุกรรมต่อการปรับปรุงพันธุ์พืช เขาเป็นผู้บัญญัติศัพท์ของคำว่าทรัพยากรเชื้อพันธุกรรม (germplasm resources) และแสดงถึงความจำเป็นที่ต้องมีเชื้อพันธุกรรม (germplasm) ที่ปรากฏในธรรมชาติ ซึ่งจำเป็นสำหรับการปรับปรุงพันธุ์พืชในระยะยาว ผลกระทบของการมีพันธุกรรมพืชที่เหมือนกันในพันธุ์เดียวเห็นได้จากการระบาดของโรคใบไหม้ในข้าวโพดในประเทศสหรัฐอเมริกาในปี 1970 ซึ่งทำลายข้าวโพดในประเทศสหรัฐอเมริกาถึง 15% ภายในหนึ่งปี เหตุการณ์นี้นับเป็นความเสี่ยงทางพันธุกรรม (genetic vulnerability) ที่สำคัญของพืชหลักหลายชนิด และนำไปสู่ความสนใจผลของความสม่ำเสมอจากพันธุกรรม (genetic uniformity) และผลกระทบ นับเป็นจุดเปลี่ยนที่สำคัญในประวัติศาสตร์ของทรัพยากรเชื้อพันธุกรรม ทำให้เกิดองค์การระหว่างชาติที่ทำงานเกี่ยวกับทรัพยากรพืช ก่อตั้งขึ้นในปี 1974 และต่อมาได้เปลี่ยนชื่อใหม่เป็นสถาบันแหล่งพันธุกรรมพืชนานาชาติ (The international Plant Genetic Resources Institute; IPGRI) หน่วยงานนี้เก็บรวบรวม ประเมิน และอนุรักษ์เชื้อพันธุกรรมพืชสำหรับใช้ในอนาคต

1.1.6 พันธุศาสตร์ปริมาณและปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์กับสภาพแวดล้อม

พันธุศาสตร์ปริมาณเป็นสาขาพันธุศาสตร์ที่ศึกษาพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะที่มีการกระจายตัวแบบต่อเนื่อง (continuous variation) เป็นเรื่องที่ศึกษาระดับที่แตกต่างกันของการถ่ายทอดพันธุกรรมในสิ่งมีชีวิต ในปี 1918 ฟิชเชอร์ (Fisher) ชาวอังกฤษ สามารถใช้วิชาสถิติร่วมกับกฎของเมนเดลในการอธิบายพันธุกรรมที่ควบคุมลักษณะที่มีการกระจายตัวแบบต่อเนื่อง เขาได้แบ่งความแปรปรวนของฟีโนไทป์เป็นสามส่วน ประกอบด้วยความแปรปรวนอันเกิดจากการแสดงออกของยีนแบบบวกสะสม (additive) ความแปรปรวนอันเกิดจากการแสดงออกของแบบข่ม (dominance) และความแปรปรวนจากการมีปฏิสัมพันธ์ระหว่างยีนต่างตำแหน่ง (epistasis) แนวคิดของฟิชเชอร์ได้ถูกนำไปใช้อย่างแพร่หลายในการปรับปรุงพันธุ์พืชอย่างมีประสิทธิภาพ นอกจากนี้ฟิชเชอร์ยังได้วางพื้นฐานที่เกี่ยวกับการ

ทดลองทางวิทยาศาสตร์ในพืชโดยการพัฒนาทฤษฎีของการออกแบบการทดลองและวิเคราะห์ทางสถิติ ซึ่งเป็นส่วนที่สำคัญในโครงการปรับปรุงพันธุ์พืช พันธุศาสตร์ปริมาณได้มีการพัฒนาการอย่างมากในหลายทศวรรษที่ผ่านมา เนื่องจากการพัฒนาความรู้ทางด้านจีโนมพืช โดยเฉพาะอย่างยิ่ง เครื่องหมายโมเลกุล และเครื่องมือต่าง ๆ ในระดับพันธุศาสตร์โมเลกุล ซึ่งสามารถใช้ในการวิเคราะห์ความซับซ้อนของลักษณะปริมาณโดยใช้หลักการของเมนเดล

มูเออร์ (Mooers, 1921) เยทส์ และคอคแรน (Yates และ Cochran, 1938) ชาวอเมริกัน ได้แสดงให้เห็นถึงความสำคัญของปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์และสภาพแวดล้อมและความสำคัญของปฏิสัมพันธ์ดังกล่าวในการปรับปรุงพันธุ์พืช วิธีการทางสถิติได้ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อใช้ในการประเมินปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์กับสภาพแวดล้อม โดยการใช้การวิเคราะห์การถดถอยเชิงเส้น (linear regression) การวิเคราะห์ความไม่สม่ำเสมอของความแปรปรวน (heterogeneity of variance) การวิเคราะห์ค่าสหสัมพันธ์ (correlation) การวิเคราะห์การจัดลำดับชั้น (ordination) การวิเคราะห์การจัดกลุ่ม (clustering) ปัจจุบันนี้ปฏิสัมพันธ์ระหว่างจีโนไทป์กับสภาพแวดล้อมได้รับความสนใจมากขึ้น โดยสามารถประยุกต์วิธีการทางพันธุศาสตร์โมเลกุลเข้ามาวิเคราะห์ปฏิสัมพันธ์ดังกล่าวได้

1.1.7 ลักษณะดีเด่นเหนือพ่อแม่ (heterosis) และการปรับปรุงพันธุ์ลูกผสม

ในปี 1877 ชาร์ส ดาร์วิน ได้ทำการทดลองและแสดงให้เห็นว่าการผสมระหว่างพืชที่มีสายพันธุ์ใกล้เคียงกันไม่สามารถให้ลูกผสมที่มีลักษณะดีเด่นเหนือพ่อแม่ได้ เขาสังเกตว่าการเกิดลักษณะดีเด่นเหนือพ่อแม่ของลูกผสมเกิดจากการผสมระหว่างพืชที่มีพันธุกรรมแตกต่างกัน ลูกผสมที่ได้สามารถแสดงลักษณะดีเด่นกว่าพ่อแม่ทั้งสองในพืชอย่างเช่นข้าวโพด เขาสรุปว่าการผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์จะทำให้เกิดลักษณะที่ดีเด่น ส่วนการผสมตัวเองจะทำให้เกิดลักษณะที่เลวลง และต่อมาในปี 1879 วิลเลียม บีล (William Beal) ชาวอเมริกัน แสดงให้เห็นว่าความแข็งแรงของข้าวโพดลูกผสมเกิดจากการผสมระหว่างสายพันธุ์ข้าวโพดที่มีความแตกต่างกันทางพันธุกรรม การจับคู่ผสมที่เหมาะสมสามารถเพิ่มผลผลิตในลูกผสมได้ถึงมากกว่า 50% ต่อมาในปี 1890 ซันบอร์น (Sunborn) และ ในปี 1892 แมกคลัวร์ (McClure) ได้ทดสอบยืนยันการทดลองของบีลและอธิบายขยายความลักษณะดีเด่นของลูกผสมเหนือค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ทั้งสอง

1.1.8 การปรับปรุงประชากร

มีวิธีการหลายวิธีในการปรับปรุงประชากรพืช ได้แก่การคัดเลือกแบบเก็บรวม (bulk) การคัดเลือกหมู่ (mass selection) การคัดเลือกแบบวงจร (recurrent selection) ในปี 1940 ฮาแลน (Harlan) ได้เสนอวิธีการคัดเลือกแบบเก็บรวมที่สามารถใช้ในการจัดการประชากรพืชที่มีการกระจายตัวเมื่อมีการสร้างลูกผสมกระจายตัวจากคู่ผสมระหว่างพ่อแม่จำนวนหลายคู่ แนวคิดนี้ได้เปลี่ยนวิธีการในการปรับปรุงพันธุ์พืชผสมตัวเอง ส่วนการคัดเลือกหมู่เป็นระบบการปรับปรุงพันธุ์ด้วยการเก็บรวบรวมเมล็ดจากพืชที่ถูกคัดเลือกไว้โดยดูจากการแสดงออกของฟีโนไทป์ และนำเมล็ดเหล่านั้นเก็บรวมและนำไปใช้ปลูกในฤดูถัดไป การคัดเลือกหมู่ นับเป็นการคัดเลือกวิธีที่เก่าแก่ที่สุดในการปรับปรุงพันธุ์พืช และเป็นวิธีที่เกษตรกรได้นำมาใช้เพื่อเก็บรวบรวมเมล็ดของตัวเพื่อปลูกในฤดูถัดไป ดังนั้นจึงถือเป็นวิธีการต้นกำเนิดของการพัฒนาพันธุ์พืช

การปรับปรุงพันธุ์พืชผสมข้ามเช่น ข้าวโพด พืชอาหารสัตว์ และไม้ยืนต้น เช่น มะพร้าว ปาล์มน้ำมัน ยางพารา การปรับปรุงพันธุ์พืชเหล่านี้จะใช้วิธีการเปลี่ยนแปลงความถี่แอลลีลของยีน โดยการเพิ่มและตรึงความถี่แอลลีลลักษณะดีในประชากร ขณะเดียวกันก็ต้องรักษาระดับของเฮเทอโรไซโกซิตี (heterozygosity) ในประชากรด้วย การคัดเลือกแบบวงจรเป็นวิธีการปรับปรุงพันธุ์ที่ใช้กับลักษณะปริมาณโดยการเพิ่มความถี่แอลลีลของยีนที่ดีเข้าไปในประชากรพืช วิธีการคัดเลือกแบบวงจรจะทำเป็นรอบโดยในแต่ละรอบประกอบด้วยสองระยะคือระยะแรกเป็นการคัดเลือกจีโนไทป์ที่ถูกควบคุมโดยแอลลีลของยีนลักษณะดีระยะที่สองเป็นการผสมระหว่างพืชที่ได้รับการคัดเลือก การปฏิบัติเช่นนี้จะช่วยเพิ่มความถี่แอลลีลของยีนที่ต้องการในประชากรได้ อย่างไรก็ตาม การคัดเลือกแบบวงจรก็มีข้อจำกัดถ้าใช้กับประชากรที่มีฐานพันธุกรรมแคบ ดังนั้นจึงมีผู้ที่นำการคัดเลือกแบบวงจรไปปรับใช้กับพืชวิธีการต่าง ๆ ได้หลายวิธี นอกจากนี้การคัดเลือกแบบวงจรมายังสามารถนำไปปรับใช้กับพืชที่เป็นพืชผสมตัวเองด้วย

1.1.9 การเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อและความผันแปรทางพันธุกรรมอันเกิดจากการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ (somaclonal variation)

จากการค้นพบฮอร์โมนพืช ออกซิน (auxin) โดยเวนท์ (Went) และ ไซโตไคนิน (cytokinin) โดยสคูก (Skoog) ทำให้นักวิทยาศาสตร์สามารถเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อพืชใน

ห้องปฏิบัติการและชักนำให้เป็นต้นพืชที่สมบูรณ์ได้ เซลล์พืชมีคุณสมบัติโททิโพเทนซี (totipotency) หมายถึงยีนที่จำเป็นสำหรับการสร้างเนื้อเยื่อและต้นพืชเต็มวัยสามารถถูกชักนำให้มีการแสดงออกยีนเป็นลำดับขั้นที่ถูกต้องได้ ดังนั้นจึงทำให้เซลล์พืชหนึ่งเซลล์สามารถถูกชักนำให้เจริญเติบโตเป็นต้นพืชต้นเต็มวัยได้ Larkin และ Scowcroft (1981) พบว่า การสร้างต้นอ่อนจากเซลล์พืชแต่ละเซลล์ทำให้เกิดความผันแปรทางพันธุกรรมได้ กระบวนการนี้นับเป็นวิธีสำคัญอีกแบบหนึ่งในการสร้างความแปรปรวนทางพันธุกรรมพืช เขาได้บัญญัติเป็นคำศัพท์ที่ใช้อธิบายกระบวนการนี้ว่า somaclonal variation เป็นความผันแปรทางพันธุกรรมอันเกิดจากการเพาะเลี้ยงเนื้อเยื่อ ความผันแปรทางพันธุกรรมนี้นับได้ว่าเป็นเครื่องมือที่มีศักยภาพเครื่องมือหนึ่งในการสร้างความแปรปรวนใหม่ในพืชทุกชนิด ทั้งในพืชยืนต้น พืชล้มลุก รวมทั้งพืชที่ขยายพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศด้วย

1.1.10 พันธุวิศวกรรมและการถ่ายยีน

จากการค้นพบโครงสร้างดีเอ็นเอโดยวัตสันและคริก (Watson และ Crick) ในปี 1953 ได้ทำให้เกิดเครื่องมือที่ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์พืชเพิ่มขึ้น โดยช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์พืชสามารถถ่ายยีนที่ต้องการได้อย่างจำเพาะเข้าสู่พืชเป้าหมาย นักวิทยาศาสตร์สามารถใช้เอนไซม์ตัดและต่อโมเลกุลดีเอ็นเอทำให้สามารถจัดการยีนในห้องปฏิบัติการได้ ในปี 1973 สแตนเลย์ โคเฮน (Stanley Cohen) และ เฮอว์เบิร์ต โบเยอร์ (Herbert Boyer) สามารถตัดต่อ ยีนจากสิ่งมีชีวิตหนึ่งเข้ากับสิ่งมีชีวิตอีกชนิดหนึ่ง สร้างดีเอ็นเอโมเลกุลสายผสม และโมเลกุลสายผสมนี้สามารถแสดงออกได้อย่างปกติ กระบวนการนี้นับเป็นพื้นฐานของพันธุวิศวกรรม การทำพันธุวิศวกรรมในพืชจะเป็นการโคลนยีนที่จำเพาะจากสิ่งมีชีวิตที่มียีนที่ต้องการ แล้วนำยีนที่โคลนได้ถ่ายเข้าสู่พืชเป้าหมาย โดยอาจใช้กระบวนการถ่ายยีนโดยธรรมชาติ คือใช้แบคทีเรียที่เป็นเชื้อก่อโรคพืชในดินคืออะโกรแบคทีเรีย (*Agrobacterium tumefaciens*) หรือการใช้เครื่องยิงอนุภาคขนาดเล็กที่เคลือบด้วยยีนถ่ายยีนเข้าไปยังเซลล์เป้าหมาย

กระบวนการทางพันธุวิศวกรรมในพืชนี้ได้ทำให้เกิดจุดเปลี่ยนที่สำคัญในงานวิจัยพืช ทำให้เกิดการลงทุนของบริษัทเอกชนเป็นจำนวนมากในเทคโนโลยีชีวภาพทางด้านพืช เช่น การสร้างพืชที่สามารถสังเคราะห์สารต้านทานแมลงโดยการโคลนยีนจากแบคทีเรีย *Bacillus thuringiensis* หรือยีน Bt ยีนนี้ได้ถูกถ่ายเข้าสู่ข้าวโพดและพืชชนิดต่างๆ และสามารถผลิตใน