



รายงานผลการวิจัยฉบับสมบูรณ์
ทุนอุดหนุนวิจัย มก. ปีงบประมาณ 2551

รหัสโครงการวิจัย ก-ช(ด)33.51
การคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ที่เหมาะสม เพื่อยกระดับผลผลิตปลาดุก โดยอาศัย
ข้อมูลจากเครื่องหมายพันธุกรรม
Selection of Broodstocks to Enhance Production of Walking Catfish
Employing Information from Genetic Markers

หัวหน้าโครงการ ศาสตราจารย์อุทัยรัตน์ ณ นคร
หน่วยงานต้นสังกัด ภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ คณะประมง
หน่วยงานหลัก ภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ คณะประมง

แหล่งทุน: ทุนอุดหนุนวิจัย มก.

สถาบันวิจัยและพัฒนาแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

คำนำ

ภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ เป็นหน่วยงานหนึ่งที่ทำ การวิจัยด้านการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำมาอย่างต่อเนื่อง โดยได้ให้ความสำคัญทั้งในด้านสัตว์น้ำชายฝั่ง และสัตว์น้ำจืด โดยเฉพาะอย่างยิ่งได้ทำการวิจัยในปลาอุกมาอย่างต่อเนื่องยาวนาน ทั้งในด้านการออกแบบระบบการเลี้ยง ด้านสุขภาพ อาหาร และพันธุกรรม งานวิจัยเรื่อง “การคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ที่เหมาะสม เพื่อยกระดับผลผลิตปลาอุก โดยอาศัยข้อมูลจากเครื่องหมายพันธุกรรม ” เป็นงานทางด้านพันธุกรรม ซึ่งเป็นส่วนหนึ่งของความพยายามที่จะนำความรู้ทางด้านพันธุศาสตร์สัตว์น้ำมาใช้ เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการผลิตปลาอุกผสม การวิจัยครั้งนี้นอกจากจะเป็นการสร้างความรู้ที่เป็นประโยชน์ต่อการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำแล้ว ยังมีคุณูปการในการพัฒนากำลังคนด้านการวิจัย โดยได้ผลิตนักวิจัยระดับปริญญาเอกจำนวน 1 คน

กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยเรื่องนี้ได้รับทุนอุดหนุนจากสถาบันวิจัยและพัฒนาแห่งมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
ผู้วิจัยขอขอบคุณผู้มีรายนามต่อไปนี้เป็นอย่างสูง

- ดร.วงศ์ปฐม กมลรัตน์ กรมประมง ให้คำแนะนำในการวางแผนการวิจัยและวิเคราะห์ข้อมูล
- ผศ.ดร.ศกร คุณวุฒิฤทธิ์ธณ ภาควิชาสัตวบาล คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ให้
คำแนะนำในการวิเคราะห์ข้อมูล
- คุณสุรศักดิ์ กุลลาย และคุณสุรศักดิ์ วานิชกุล ที่ให้ความอนุเคราะห์พันธุ์ปลาดุกยักษ์
- คุณฉัตรชัย ทองยัง ที่ให้ความอนุเคราะห์พันธุ์ปลาดุกอุย

สารบัญ

คำนำ	i
กิตติกรรมประกาศ	ii
บทที่ 1 บทนำ	1
บทที่ 2 เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	3
บทที่ 3 วิธีวิจัย	8
บทที่ 4 ผลการวิจัย	14
ความแตกต่างทางพันธุกรรมของปลาดุกยักษ์และปลาดุกอุยจากแหล่งต่างๆ	14
ลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจของลูกผสมต่างคู่ผสม	15
บทที่ 5 วิจารณ์ผล สรุปและเสนอแนะ	27
เอกสารอ้างอิง	31
ภาคผนวก	36

บทที่ 1 บทนำ

ปลาดุกลูกผสม “บิ๊กอู๋ ” เกิดจากการผสมพันธุ์ระหว่างแม่พันธุ์ปลาดุกอู๋ (*Clarias macrocephalus*) ซึ่งเป็นปลาพื้นเมืองของไทย กับพ่อพันธุ์ปลาดุกยักษ์ (*Clarias gariepinus*) ซึ่งเป็นปลาพื้นเมืองของทวีปแอฟริกา ในอดีต ปลาดุกผสมเป็นปลาสำคัญทางเศรษฐกิจ โดยมีผลผลิต 90% ของปริมาณปลาดุกที่ได้จากการเลี้ยงในประเทศไทย ซึ่งมีผลผลิตปีละไม่ต่ำกว่า 100,000 ตัน แต่เมื่อปี 2551 ปริมาณการผลิตปลาดุกลูกผสมลดลงเหลือเพียง 6,456 ตัน (ศูนย์สารสนเทศกรมประมง, 2556) ในขณะที่ผลผลิตปลาดุกรวมมีถึง 116,875 ตัน (FAO, 2010) โดยผลผลิตส่วนใหญ่เป็นปลาดุกยักษ์ การเลี้ยงปลาดุกลูกผสมมีน้อยลงเนื่องจากปัญหาหลายประการ อาทิเช่น ปัญหาการขาดแคลน แม่พันธุ์ปลาดุกอู๋ ปลาดุกลูกผสมเป็นโรคง่าย อัตราการเจริญเติบโตต่ำ อัตราการแลกเนื้อต่ำ สิ่งเหล่านี้ทำให้ผลกำไรต่อหน่วยลดลง หรือขาดทุน (บุญถม และคณะ, ข้อมูลไม่ได้ตีพิมพ์)

เป็นที่น่าเสียดายว่าเกษตรกรผู้เพาะพันธุ์ปลาดุกลูกผสม นำพ่อแม่พันธุ์ปลามาจากหลายแหล่ง และไม่ได้ให้ความสำคัญเรื่องพันธุกรรมของปลาเหล่านั้น (เทคทองพันธุ์ปลา, การติดต่อส่วนตัว) ทำให้เสียโอกาสที่จะใช้ประโยชน์จากการปรับปรุงพันธุ์ นอกจากนั้นแล้วหากสายพันธุ์มีผลต่อการแสดงออกของลูกผสมจริง การใช้พ่อแม่ที่มีพันธุกรรมแตกต่างกันไปทุกครั้ง จะทำให้ได้ลูกผสมที่มีพันธุกรรมเปลี่ยนไปทุกครั้งเช่นเดียวกัน ซึ่งจะมีผลต่อการเลี้ยงไม่มากนักน้อย

ดังนั้นจึงจำเป็นต้องมีการศึกษาผลของสายพันธุ์ต่อลักษณะทางเศรษฐกิจของลูกผสม อย่างไรก็ตาม เนื่องจาก ในปัจจุบันนั้นยังไม่มีมีการปรับปรุงพันธุ์ปลาดุกอู๋และปลาดุกยักษ์อย่างจริงจัง จึงยังไม่มีสายพันธุ์ที่มีพันธุกรรมแตกต่างกันชัดเจน ในการศึกษาจึงต้องศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมของพ่อแม่ปลาที่ใช้ในการศึกษาด้วยเครื่องหมายพันธุกรรม ซึ่งในที่นี้เลือกใช้ microsatellite ซึ่งเป็นเครื่องหมายที่มีความหลากหลายสูง และได้มีการพัฒนาแล้วใช้ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาดุกอู๋ (ศรีจรรยา, 2546) และปลาดุกยักษ์ (Galbusera et al., 1996) จากนั้นจึงเลือกพ่อแม่พันธุ์ที่มีพันธุกรรมแตกต่างกัน มาใช้ในการศึกษา

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ

- 1) ศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรภายในชนิดของปลาดุกยักษ์ และปลาดุกอู๋ ชนิดละ 3 แหล่ง
- 2) ศึกษาผลของสายพันธุ์ปลาดุกยักษ์ และปลาดุกอู๋ ที่มีต่อลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจของปลาดุกลูกผสม
- 3) เลือกคู่ผสมที่มีลักษณะดีเพื่อนำมาให้แก่เกษตรกร

ข้อมูลและความรู้ ที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้จะเป็นประโยชน์ต่อเกษตรกร โดยจะเน้นให้เห็น
ความสำคัญของแหล่งพ่อแม่พันธุ์ และสามารถแนะนำคู่ผสมที่ดีให้เกษตรกรนำไปใช้ได้โดยตรง

บทที่ 2 เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ข้อมูลทั่วไปเกี่ยวกับปลาดุก

ปลาดุก จัดเป็นปลากลุ่มใหญ่ที่สุดในวงศ์ Clariidae อยู่ในสกุล *Clarias* ซึ่งปลาสกุลนี้แพร่กระจายอยู่ในน้ำจืดในทวีปอาฟริกา และ เอเชีย ปลาดุกหลายชนิดในสกุลนี้มีความสำคัญในการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ (Garcia-Franco, 1993) อย่างน้อยมี 3 ชนิด ที่เลี้ยงเป็นการค้า คือ ปลาดุกยักษ์ *Clarias gariepinus* เลี้ยงในทวีปอาฟริกา ส่วนปลาดุกอุย *C. macrocephalus* และปลาดุกด้าน *C. batrachus* เลี้ยงในทวีปเอเชีย (Na-Nakorn *et al.*, 2004) แต่ในระยะหลังได้มีการนำเข้าปลาดุกยักษ์มาเลี้ยงในประเทศไทย และได้มีการผสมข้ามระหว่างปลาดุกอุยเทศเมียนและปลาดุกยักษ์เทศผู้ขึ้นโดยกลุ่มวิจัยการเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ สถาบันวิจัยประมงน้ำจืดกรมประมงและประสบความสำเร็จได้ปลาดุกผสมที่เรียกกันว่า “บิกอุย” หรือ “ดุกอุยเทศ” ปลาดุกผสมที่ได้มีอัตราการเจริญเติบโตดีและทนทานต่อโรค เช่นเดียวกับปลาดุกยักษ์ส่วนเนื้อมีลักษณะและรสชาติที่ดีเหมือนปลาดุกอุย จึงเป็นที่นิยมเลี้ยงของเกษตรกรมาจนกระทั่งปัจจุบัน (สุจินต์ และคณะ, 2533a)

ปลาดุกอุยพบอยู่ทั่วทุกภาคของประเทศไทย จากสภาพภูมิศาสตร์ที่แตกต่างกัน ระยะทางที่ห่างไกล ประกอบกับมีสิ่งกีดขวางทางภูมิศาสตร์ จึงมีความเป็นไปได้ที่ประชากรเหล่านี้จะมีพันธุกรรมแตกต่างกัน (Hedrick, 1985; Yi *et al.*, 2006) ดังนั้นจึงทำให้ประชากรของปลาดุกอุยในประเทศไทยสามารถแบ่งได้เป็นหลายประชากร เช่น ประชากรในภาคใต้มีความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างชัดเจนกับประชากรจากภาคกลางและภาคอีสาน (Na-Nakorn *et al.*, 2004) นอกจากนี้ประชากรทางภาคเหนือตอนล่างยังสามารถแบ่งออกเป็นประชากรย่อย 2 ประชากรที่สอดคล้องกับสภาพทางภูมิศาสตร์ (ศรีจรรยา, 2546)

ปลาดุกยักษ์ หรือปลาดุกเทศ มีแหล่งกำเนิดในประเทศอาฟริกา และได้นำเข้ามาสู่ประเทศไทยโดยเชื่อกันว่ามาจาก 2 แหล่ง แหล่งแรก มานพ และคณะ (2533) ได้รายงานว่ามีมาจาก เซ็นทรัลอาฟริกัน รีพับลิค และเข้ามายัง รัสเซีย เวียดนาม ลาว และประเทศไทย แหล่งที่ 2 มาจากอียิปต์ เข้าสู่จีน และประเทศไทย (Li *et al.*, 2000) นอกจากนี้ยังมีผู้ศึกษาปลาดุกยักษ์ในประเทศอินเดีย โดยการวิเคราะห์ อัลโลไซม์ (Allozyme) 8 ตำแหน่ง พบว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างต่ำ และประกอบด้วยปลาสองสายพันธุ์ผสมกันอยู่ ซึ่งคาดว่านำเข้าจากประเทศไทยโดยผ่านทางบังคลาเทศ (Lal *et al.*, 2003) นอกจากนี้ได้มีการศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรของปลาดุกยักษ์จากโรงเพาะฟัก 4 แหล่ง ในประเทศไทย พบว่าประชากรปลาดุกยักษ์จากทั้ง 4 แหล่ง แบ่งเป็นประชากรย่อยที่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างชัดเจน 2 กลุ่ม โดยกลุ่มแรก คือ อ่างทองกับสุพรรณบุรี และกลุ่มที่สอง คือ นครปฐมและนครสวรรค์ (Wachirachaikarn *et al.*, 2009)

การผสมข้าม (Cross breeding)

การผสมข้าม (cross breeding) หมายถึง การผสมของสัตว์ที่มีพันธุกรรมแตกต่างกัน (King and Stansfield, 1990) เป็นการปรับปรุงพันธุ์วิธีหนึ่ง ในหลายๆ วิธี การผสมข้ามพันธุ์มักใช้ในกรณีที่มีลักษณะที่ต้องการปรับปรุงนั้นไม่อยู่ภายใต้อิทธิพลของยีนผลบวก ซึ่งจะทำให้การปรับปรุงพันธุ์โดยการคัดเลือก (selection) ไม่ได้ผล ในการผสมข้ามมีโอกาสที่จะได้ลูกผสมที่มีค่าเฉลี่ยของลักษณะสูงกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ หรือสูงกว่าพ่อแม่หรือแม่ที่ดีที่สุด (หรือที่เรียกว่าการเกิด heterosis หรือ hybrid vigor) ประโยชน์อีกประการหนึ่งของการผสมข้าม คือ การรวมลักษณะดีของพ่อแม่ไว้ด้วยกัน (Falconer and MacKay, 1996; Rahman *et al.*, 2005) ในกรณีการผสมข้ามระหว่างปลาดุกอุย และปลาดุกยักษ์นั้นก็เพื่อเป็นการรวมลักษณะที่ดีของปลาดุกอุย คือ รสชาติดี และสีเนื้อสวย และลักษณะที่ดีของปลาดุกยักษ์ คือ การเจริญเติบโตที่รวดเร็วและต้านทานโรคไว้ในลูกผสมบิกอุย

การผสมข้ามในสัตว์น้ำสามารถทำได้ทั้งภายในชนิด (intraspecific cross) และระหว่างชนิด (interspecific cross) วัตถุประสงค์ของการผสมข้ามชนิดนี้มีหลายประการ เช่น เพิ่มการเจริญเติบโต การจัดการอัตราส่วนเพศ ผลผลิตลูกที่เป็นหมัน ปรับปรุงคุณภาพเนื้อ เพิ่มความต้านทานโรค ปรับปรุงความทนทานต่อสภาพแวดล้อม และปรับปรุงลักษณะที่ดีอื่นๆ เพื่อจะทำให้การเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำได้รับประโยชน์มากที่สุด (Bartley *et al.*, 2000; Scribner *et al.*, 2001; Rahman *et al.*, 2005; Ding *et al.*, 2007) ในการผสมข้ามชนิดเพื่อให้ได้ลักษณะบางประการที่ดีกว่า พ่อ แม่ ประสบความสำเร็จในสัตว์น้ำหลายๆ ชนิด เช่น ลูกผสมระหว่าง channel catfish x blue catfish มีน้ำหนักเฉลี่ยสูงกว่าปลา channel catfish (Green and Rowles, 2010) เพอร์เซ็นต์ซากที่ผ่านการตกแต่งและเปอร์เซ็นต์เนื้อของลูกผสม channel catfish x blue catfish มีค่าสูงกว่าชนิดพ่อแม่ (Argue *et al.*, 2003) การผสมข้ามชนิดของหอยเม่น พบว่าลูกผสมของหอยเม่น (*Strongylocentrotus intermedius* x *Anthocardis crassispina*) มีค่าเฉลี่ยน้ำหนักตัวสุดท้าย (น้ำหนักเปียก) และค่าเฉลี่ยน้ำหนัก อวัยวะสืบพันธุ์ภายใน (gonad) สูงกว่าสายพันธุ์พ่อแม่ (Ding *et al.*, 2007) การผสมข้ามของหอยเม่นในสกุล *Echinometra* พบว่าลูกผสมมีค่าเฉลี่ยของน้ำหนักสุดท้าย น้ำหนักที่เพิ่มขึ้นเป็นกรัม น้ำหนักที่เพิ่มขึ้นเป็นเปอร์เซ็นต์ การเจริญเติบโตจำเพาะ น้ำหนักเปียกโกนแห้ง และเส้นผ่าศูนย์กลางของเปลือก สูงกว่าสายพันธุ์พ่อแม่ (Rahman *et al.*, 2005) การผสมข้ามระหว่าง *Clarias gariepinus* x *Heterobranchus longifilis* พบว่าลูกผสมมีการเจริญเติบโตจำเพาะที่สูงกว่า *C. gariepinus* แต่ไม่ต่างจาก *H. longifilis* (Legendre *et al.*, 1992) นอกจากนี้ยังมีการศึกษาในปลาและสัตว์น้ำอีกหลายชนิด เช่น *Oncorhynchus clarkii* x *O. mykiss* (Seiler and Keeley, 2007), *Pagrus auratus* x *P. pagrus* (Paspatis *et al.*, 1999), *Megalobrama amblycephala* x *Tinca tinca* (Zou *et al.*, 2007) และปลา *Oryzias* sp. (Sakai *et al.*, 2007)

ผลของสายพันธุ์ต่อลักษณะของลูกผสม

ในการศึกษาที่ผ่านมาในปลาบางชนิด พบว่า สายพันธุ์มีผลต่อลูกผสมในบางลักษณะ เช่น จากการศึกษาของ Dunham *et al.* (2014) ศึกษาในปลาลูกผสมระหว่าง channel catfish x blue catfish ในลักษณะการเจริญเติบโต และอัตราการรอด พบว่า ลูกผสมที่เกิดจากพ่อ blue catfish สายพันธุ์ Rio Grande มีการเจริญเติบโต อัตราการรอดสูงกว่าลูกผสมที่เกิดจากพ่อ blue catfish สายพันธุ์ Alabama แต่ในบางลักษณะก็ไม่พบความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์ที่ต่างกัน เช่น การศึกษาของ Argue *et al.* (2003) ได้ศึกษาลูกผสมระหว่าง blue catfish สายพันธุ์ RioGrande x channel catfish สายพันธุ์ Kansas มีเปอร์เซ็นต์ dress-out และ เปอร์เซ็นต์ fillet yield ไม่ต่างกับลูกผสมระหว่าง blue catfish สายพันธุ์ RioGrande กับ channel catfish สายพันธุ์ Marion เช่นเดียวกับการศึกษาของ Jiang *et al.* (2008) ศึกษาในลูกผสมระหว่างแม่ channel catfish x พ่อ blue catfish พบว่าลูกผสมที่เกิดจากพ่อสายพันธุ์ D&B ผสมกับแม่ต่างสายพันธุ์กันคือสายพันธุ์ NWAC103³ และสายพันธุ์ HS-5 ลูกผสมมี เปอร์เซ็นต์ dress-out ที่ไม่ต่างกัน และยังมีรายงานว่าระหว่างสายพันธุ์ต่างๆ ของ channel catfish มีเปอร์เซ็นต์ซากที่ไม่แตกต่างกันอีกด้วย (Argue *et al.*, 2003)

เฮเทอโรซิส (Heterosis)

เฮเทอโรซิส หมายถึง ความแตกต่างของค่าเฉลี่ยของลูกผสม กับค่าเฉลี่ยของพ่อแม่คิดเป็นสัดส่วนหรือร้อยละของค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ ค่าเฮเทอโรซิสอาจเป็นบวกหรือลบก็ได้ ถ้าเป็นบวก มีความหมายว่าลูกผสมมีลักษณะดีกว่าพ่อแม่ ถ้าเป็นลบ มีความหมายว่าลูกผสมมีลักษณะด้อยกว่าพ่อแม่ โดยทั่วไปมีแนวโน้มว่า ค่าเฮเทอโรซิสจะยิ่งสูงขึ้นเมื่อพ่อแม่ที่นำมาผสมมีพันธุกรรมแตกต่างกันมาก (อุทัยรัตน์, 2543; Carlos *et al.*, 2011) และค่าเฮเทอโรซิสจะมีค่าสูงในลูกผสมรุ่นที่ 1 จากนั้นจะลดลงในรุ่นต่อไป (อุทัยรัตน์, 2543; Alfred *et al.*, 2006) สาเหตุจากการกระจายตัวของยีน ซึ่งจะยกเว้นเฉพาะลักษณะที่เฮเทอโรซิสมีผลของ มาเทอร์นัลเอฟเฟกต์ (maternal effect) มาเกี่ยวข้อง (อุทัยรัตน์, 2543)

กลไกทางพันธุกรรมของปรากฏการณ์เฮเทอโรซิส ยังไม่ทราบแน่ชัด โดยนักวิทยาศาสตร์คาดว่า น่าจะเกิดจากกลไกทางพันธุกรรม 3 แบบ คือ 1) ผลของยีนซ่ม โดยอัลลีลเด่นจากพ่อหรือแม่จะบดบังผลเสียอันเกิดจากอัลลีลด้อย ทำให้ลูกผสมซึ่งอยู่ในสภาพเฮเทอโรไซกัสมีลักษณะที่ดีกว่าพ่อแม่ 2) ผลของ overdominant ซึ่งจีโนไทป์ในสภาพเฮเทอโรไซกัสจะแสดงลักษณะที่ดีกว่าโฮโมไซกัสทั้งสองแบบ 3) ผลของปฏิกริยาระหว่างยีนต่างตำแหน่ง (epistasis) (Wright, 1977) อย่างไรก็ตามจากการศึกษาในพืชและสัตว์รวมสัตว์น้ำ ยังไม่สามารถสรุปได้แน่ชัดว่าอะไรคือกลไกที่ทำให้เกิด เฮเทอโรซิสทั้งนี้ Hedgecock *et al.* (1996) เสนอแนะว่า แม้นักวิทยาศาสตร์ส่วนใหญ่ที่ทำการศึกษาในหอยนางรม (*Crassostrea gigas*) จะค่อนข้างเชื่อว่าเฮเทอโรซิสสัมพันธ์กับเฮเทอโรไซโกติดี ซึ่งหมายความว่าเฮเทอโรซิส เกิด

จากกลไกพันธุกรรมแบบ overdominance แต่พบว่าในการผสมหลายๆ คู่พบเฮเทอโรซิสทั้งทางบวกและทางลบ จึงคิดว่า epistasis น่าจะอธิบายปรากฏการณ์นี้ได้ดีกว่า

ในสัตว์น้ำหลายชนิดพบผลของเฮเทอโรซิสในบางลักษณะเป็นบวก เช่น การเปรียบเทียบการเจริญเติบโตและความอยู่รอดของลูกผสม ระหว่างประชากรของ Chinese shrimp (*Fenneropenaeus chinensis*) พบว่า ที่อายุ 4 เดือน หลังระยะ post-larvae น้ำหนักทั้งหมด (TW) ของลูกผสมของประชากรกึ่งที่มาจาก Rushany (YP) (เพศเมีย) x Korean (KN) (เพศผู้) สูงกว่าค่าเฉลี่ยของสายพันธุ์พ่อแม่ อย่างมีนัยสำคัญ (Yi *et al.*, 2006) นอกจากนี้ยังมีการศึกษาการผสมข้ามภายในชนิดในปลาและสัตว์น้ำอื่นๆ อีกหลายชนิด เช่น การผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์ปลา chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) พบว่าอัตราการรอด, การเจริญเติบโตในน้ำเค็ม, การทนเค็ม, การตอบสนองต่อความเครียด และความดกของไข่ของลูกผสมไม่มีลักษณะที่เหนือกว่าพ่อแม่ (Bryden *et al.*, 2004) และในปลาบางชนิด ในบางลักษณะที่ศึกษามีค่าเฮเทอโรซิสเป็นลบ เช่น ลักษณะการเจริญเติบโตจำเพาะ (Specific Growth Rate, SGR) ของปลาลูกผสมระหว่าง *Clarias gariepinus* และ *Heterobranchus longifillius* แสดงค่าเฮเทอโรซิสเป็นลบ (-41.95 เปอร์เซ็นต์) ในขณะที่ลักษณะอัตราการรอดของลูกผสมแสดงค่าเฮเทอโรซิสเป็นบวก (29.4 เปอร์เซ็นต์) (Ataguba *et al.*, 2010)

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาดุก

ตลอดระยะเวลาที่ผ่านมาได้มีการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในสัตว์น้ำนานาชนิด และในปลาดุกนั้นได้มีการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมไว้ในประชากรหลายแหล่ง โดย Na-Nakorn *et al.* (1998) ได้วิเคราะห์ความผันแปรไอโซไซม์ 19 ตำแหน่ง ในปลา 4 ประชากร คือ เชียงราย (ภาคเหนือ) ปราจีนบุรี (ภาคกลาง) ปัตตานี และยะลา (ภาคใต้) พบไอโซไซม์ 7 ตำแหน่ง ที่อยู่ในสภาวะหลายรูปแบบ ค่าสังเกตเฮเทอโรไซโกซิตีมีค่าค่อนข้างสูงในประชากรจังหวัดเชียงรายและปราจีนบุรี แต่มีค่าค่อนข้างต่ำในประชากรภาคใต้ทั้งจังหวัดปัตตานีและยะลา และในปีต่อมา Na-Nakorn *et al.* (1999) ได้ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมในปลาดุกอยู่ประชากรเดิม โดยใช้ไมโครแซเทลไลต์ 3 ตำแหน่ง คือ *Cma-2**, *Cma-3** และ *Cma-4** พบว่าทั้ง 4 ประชากร มีค่าเฉลี่ยค่าสังเกตเฮเทอโรไซโกซิตีอยู่ระหว่าง 0.620-0.718 และต่อมา Na-Nakorn *et al.* (2004) ได้ศึกษาเพิ่มเติม โดยศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรปลาดุกอยู่ 26 ประชากร ทั่วประเทศไทย โดยการศึกษาความหลากหลายของอัลโลไซม์ในสภาวะหลายรูปแบบ จำนวน 8 ตำแหน่ง จาก 18 ตำแหน่ง ความหลากหลายทางพันธุกรรมมีค่าสูงในประชากรภาคเหนือตอนล่าง และภาคกลางตอนบน แต่มีค่าต่ำในประชากรภาคใต้และประชากรจากแม่น้ำโขง และศรีจรรยา (2546) ศึกษาความผันแปรทางพันธุกรรมในประชากรปลาดุกจากภาคเหนือตอนล่าง 5 ประชากร โดยใช้เครื่องหมายไมโครแซเทลไลต์จำนวน 5 ตำแหน่ง พบว่าทุกประชากรมีความผันแปรทางพันธุกรรมภายในประชากรค่อนข้างสูง

ส่วนปลาตู้ยักษ์ในประเทศไทยนั้นยังมีผู้ศึกษาความหลากหลายไม่มากนัก อย่างไรก็ตาม Wachirachaikarn *et al.* (2009) ได้ศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรของปลาตู้ยักษ์จากฟาร์มเพาะเลี้ยงในประเทศไทย 4 ฟาร์ม ได้แก่ สุพรรณบุรี อ่างทอง นครปฐม และนครสวรรค์โดยการศึกษาใช้เครื่องหมายไมโครเซทเทลโลไทป์ดีเอ็นเอ 6 ตำแหน่ง พบว่า ประชากรปลาตู้ยักษ์จากทั้ง 4 แหล่ง มีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง โดยมีจำนวนอัลลีลเฉลี่ยต่อตำแหน่งระหว่าง 4.83-12.33 มีค่าเฉลี่ยจำนวนอัลลีล (ที่เป็นอิสระต่อจำนวนตัวอย่าง) ต่อโลกัสอยู่ระหว่าง 5.19-9.88 โดยประชากรจากจังหวัดอ่างทองมีความหลากหลายสูงที่สุด

บทที่ 3 วิธีวิจัย

ความหลากหลายทางพันธุกรรมของปลาดุกยักษ์และปลาดุกอุยจากแหล่งต่างๆ ที่นำมาเป็น พ่อแม่พันธุ์ในการผลิตปลาดุกลูกผสม

ประชากรพ่อแม่พันธุ์ : เก็บตัวอย่างปลาดุกอุยและปลาดุกยักษ์จากประชากรแหล่งต่างๆ ที่ใช้ในการศึกษาจำนวนชนิดละ 3 ประชากร โดยมีรายละเอียดดังตารางที่ 1

Table 1 Origins of populations (strains) of Thai walking catfish and African catfish used in the present study.

Species	Origin	ชื่อย่อ	จำนวน
Thai walking catfish (<i>Clarias macrocephalus</i>)	Wild population collected from natural habitat, Tambol Suan Luang, Amphur Chalerm Prakiat, Nakorn Sri Thammarat province	Cma-NS	50
	Wild population collected from natural habitat, Tambol Mhak Khaeng, Amphur Muang, Ubonrachathani province	Cma-UD	50
	Selected line of Department of Aquaculture, Faculty of Fisheries, Kasetsart University, Bangkok	Cma-AQ	50
African catfish (<i>Clarias gariepinus</i>)	Hatchery population, Kaset-Pramong Farm, Tambol Tha-ang, Amphur Chockchai, Nakorn Ratchasima province	Cga-NR	50
	Hatchery population, Freshwater Fisheries Research and Development Center, Tambol Mae Nam Koo, Amphur Pluak Daeng, Rayong province	Cga-RY	50
	Selected line of Department of Aquaculture, Faculty of Fisheries, Kasetsart University	Cga-AQ	50

การเก็บ และการเตรียม ดีเอ็นเอ จากตัวอย่าง : เก็บตัวอย่างเพื่อการวิเคราะห์ microsatellite โดยตัดชิ้นส่วนครีบบางของปลาแต่ละตัวขนาดประมาณ $1 \times 2 \text{ cm}^2$ เก็บรักษาในเอทานอล 95% ในหลอด eppendorf แยกเก็บตัวอย่างละ 1 หลอด ในแต่ละประชากรเก็บตัวอย่างจำนวน 50 ตัวอย่าง

นำตัวอย่างมาสกัดดีเอ็นเอ โดยใช้วิธีมาตรฐาน phenol-chloroform โดยดัดแปลงจากวิธีของ Taggart *et al.* (1992) และตรวจสอบคุณภาพและความเข้มข้น ดีเอ็นเอ ด้วยเทคนิค agarose gel electrophoresis และเครื่องวัดการดูดกลืนแสง (spectrophotometer)

ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรปลาตุ๋น และประชากรปลาดุกยักษ์ ที่ใช้ในการทดลอง: ทำปฏิกิริยาพีซีอาร์ (Polymerase Chain Reaction, PCR) โดยใช้ไมโครเซพเทิลไลท์ไพรเมอร์ 5 ตำแหน่ง ที่คัดเลือกจากไพรเมอร์ที่พัฒนาจากปลาดุกตุ๋น 2 ตำแหน่ง (ศรีจรรยา, 2546) และปลาดุกยักษ์ 3 ตำแหน่ง (Galbusera *et al.*, 1996) โดยในปฏิกิริยาพีซีอาร์ 10 μl ประกอบด้วย

DNA template 10 ng
ไพรเมอร์ F/R สายละ 0.25 pmol
1X PCR buffer 1.5 mM
MgCl₂ 100 μM
dNTPs
และ 0.2 unit Taq DNA polymerase (Fermentas)

ทำปฏิกิริยา PCR ด้วยเครื่อง PX2 Thermal Cycler (Bio-Active Co., Ltd.) โดยใช้รอบอุณหภูมิ 94 °C นาน 5 นาที 1 รอบ ตามด้วยวงจรปฏิกิริยาที่ 94 °C นาน 30 วินาที 56 °C นาน 30 วินาที และ 72 °C นาน 1 นาที รวมทั้งสิ้น 35 รอบ และ 72 °C นาน 5 นาที 1 รอบ

จากนั้นทำการตรวจสอบผลผลิตพีซีอาร์ที่ได้โดย agarose gel electrophoresis นำผลผลิตพีซีอาร์ที่แสดงแถบชัดเจนบน agarose gel มาแยกด้วยเทคนิค electrophoresis บน denaturing polyacrylamide gel แล้วย้อมเจลด้วยวิธี silver staining จากนั้นอ่านผลแถบดีเอ็นเอและบันทึกข้อมูลจีโนไทป์

การวิเคราะห์ทางสถิติของข้อมูลจีโนไทป์:

(1) การวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากร: นำข้อมูลจีโนไทป์ของปลาแต่ละตัวในประชากรแต่ละประชากรมาคำนวณค่าต่าง ๆ ด้วยโปรแกรม FSTAT version 2.9.3.2 (Goudet, 2001) ดังต่อไปนี้คือ ค่าสัมประสิทธิ์เอฟ (F- coefficient) ทดสอบว่าประชากรที่ศึกษาแบ่งออกเป็นประชากรย่อยหรือไม่ โดยการคำนวณค่าประมาณ F , θ และ f ของ F_{is} , F_{it} และ F_{st} ทดสอบความแตกต่างระหว่างประชากร (differentiation between populations) โดยทดสอบความถี่อัลลีลของแต่ละประชากรว่า

มีความแตกต่างกันหรือไม่ด้วยวิธี Markov chain โดยใช้โปรแกรม GENEPOP version 3.4 (Raymond and Rousset, 1995)

(2) ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) โดยใช้ Cavalli-Sforza and Edwards genetic distance นำค่าระยะห่างทางพันธุกรรมมาจัดแผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (dendrogram) โดยวิธี UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic means) (Sneath and Sokal, 1973)

ผลของพันธุกรรมของสายพันธุ์ปลาอุกยักษ์ และสายพันธุ์ปลาอุกอุย ต่อลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจของลูกผสม

แผนการผสมพันธุ์และวิธีการ: ทำการผสมพันธุ์ระหว่างแม่พันธุ์ปลาอุกอุยและพ่อพันธุ์ปลาอุกยักษ์ ชนิดละ 3 สายพันธุ์ (ประชากร) เป็นจำนวนคู่ผสม 9 คู่ผสม นอกจากนั้นผสมปลาอุกอุย และปลาอุกยักษ์ ภายในสายพันธุ์เดียวกัน อีก 6 คู่ผสม รวมทั้งสิ้น 15 คู่ผสม ดังนี้

คู่ผสมระหว่างชนิด	คู่ผสมภายในชนิด/สายพันธุ์
Cma-NS x Cga-NR	Cma-NS x Cma-NS
Cma-NS x Cga-RY	Cma-UD x Cma-UD
Cma-NS x Cga-AQ	Cma-AQ x Cma-AQ
Cma-UD x Cga-NR	Cga-NR x Cga-NR
Cma-UD x Cga-RY	Cga-RY x Cga-RY
Cma-UD x Cga-AQ	Cga-AQ x Cga-AQ
Cma-AQ x Cga-NR	
Cma-AQ x Cga-RY	
Cma-AQ x Cga-AQ	

โดย Cma-NS = แม่พันธุ์ปลาอุกอุยสายพันธุ์นครศรีธรรมราช ; Cma-UD = แม่พันธุ์ปลาอุกอุยสายพันธุ์อุดรธานี; Cma-AQ = แม่พันธุ์ปลาอุกอุยสายพันธุ์ปรับปรุงของภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

Cga-NR = พ่อพันธุ์ปลาอุกยักษ์สายพันธุ์นครราชสีมา ; Cga-RY = พ่อพันธุ์ปลาอุกยักษ์สายพันธุ์ระยอง; Cga-AQ = พ่อพันธุ์ปลาอุกยักษ์สายพันธุ์ปรับปรุงของภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

ในการผสมไข่แม่พันธุ์ของแต่ละสายพันธุ์จำนวน 10 ตัว พ่อพันธุ์ 10 ตัว โดยคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ที่มีความสมบูรณ์ และใช้วิธีการผสมเทียมตามวิธีของ Na-Nakorn *et al.* (2004) จากนั้นนำไข่แต่ละชุดไปโรยบนอวนตาถี่ ที่ซึ่งไว้ในบ่อพัก ลูกปลาฟักออกเป็นตัวภายใน 24 ชั่วโมง

เก็บข้อมูลอัตราฟักเป็นตัว โดยการสุ่มไข่ที่ผสมแล้วชุดละ 200 ฟองนำไปฟักในอุปกรณ์ฟัก ที่มีการให้อากาศตลอดเวลา ทำชุดการทดลองละ 2 ซ้ำ เมื่อลูกปลาฟักเป็นตัว นับจำนวนลูกปลา และคำนวณร้อยละของลูกปลาที่ฟักเป็นตัว จากจำนวนไข่ทั้งหมด

เมื่อลูกปลามีอายุได้ 2 วัน และเริ่มกินอาหาร ย้ายลูกปลาไปอนุบาลในถังไฟเบอร์ขนาดกว้าง 66 เซนติเมตร ยาว 94 เซนติเมตร โดยปรับอัตราปล่อยให้ใกล้เคียงกัน ให้กินไรแดงวันละ 2 ครั้ง งดให้อาหาร และเติมน้ำให้ได้ระดับเดิม วันละ 1 ครั้ง เมื่ออนุบาลได้ขนาดประมาณ 1 เซนติเมตร (อายุ 4 สัปดาห์) เริ่มการทดลองที่ 1

การทดลองที่ 1 เปรียบเทียบการเจริญเติบโตของลูกปลาระหว่างอายุ 4 สัปดาห์ – 12 สัปดาห์

สุ่มลูกปลาแต่ละชุด (ขนาดเฉลี่ย 0.08-0.17 กรัม ; 0.00-0.27 กรัม; 0.12-0.35 กรัม สำหรับ ปลาตุกขุย ปลาตุกขุยยักษ์ และลูกผสม ตามลำดับ) ลงหน่วยทดลองในถังไฟเบอร์ขนาด กว้าง 66 เซนติเมตร ยาว 94 เซนติเมตร เติมน้ำสูง 40 เซนติเมตร ให้อากาศตลอดการทดลอง ปล่อยลูกปลาในอัตราถึงละ 100 ตัว ทำการทดลอง 3 ซ้ำ จัดสิ่งทดลองแบบสุ่มตลอด ให้อาหารสำเร็จรูปเสริมด้วยไรแดง วันละ 2 ครั้ง โดยให้กินจนอิ่มถ่ายน้ำ 10% วันละ 1 ครั้ง เมื่อทดลองได้ 8 สัปดาห์ (ลูกปลาอายุ 12 สัปดาห์) ทำการชั่งน้ำหนักและวัดความยาว โดยสุ่มปลาถึงละ 50 ตัว และนับลูกปลาที่รอดหลังสิ้นสุดการทดลอง นำปลาที่ได้ไปเลี้ยงต่อในการทดลองที่ 2

การทดลองที่ 2 เปรียบเทียบการเจริญเติบโตและลักษณะต่างๆ ของลูกปลาระหว่างอายุ 1 สัปดาห์ – 25 สัปดาห์

นำลูกปลาจากการทดลองที่ 1 (น้ำหนักเริ่มต้นปลาตุกขุย = 4.96 ± 0.04 - 6.35 ± 0.04 กรัม; ปลาตุกขุยยักษ์ = 10.92 ± 0.04 – 16.02 ± 0.02 กรัม; ลูกผสม = 8.33 ± 0.21 – 11.11 ± 0.13 กรัม) มาเลี้ยงในกระชังที่ตรึงในบ่อดิน ณ ภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ ขนาดกระชัง 1.5×1.5 เมตร ปล่อยปลากระชังละ 70 ตัว ทำการทดลอง 3 ซ้ำ ให้อาหารเม็ดลอยน้ำ โปรตีน 25 % วันละ 2 ครั้ง โดยให้กินจนอิ่ม ทำการชั่งน้ำหนักและวัดความยาว 4 สัปดาห์ต่อครั้ง โดยสุ่มปลาจำนวน 30 ตัว/กระชัง สิ้นสุดการทดลองเมื่ออายุ 25 สัปดาห์ เก็บข้อมูลต่อไปนี้

- อัตรารอด นับจำนวนปลาที่เหลือในกระชัง คำนวณอัตราการรอด
- ชั่งน้ำหนัก (กรัม) คำนวณค่าการเจริญเติบโตจำเพาะ (SGR, specific growth rate) ตามสูตรต่อไปนี้

การเจริญเติบโตจำเพาะ = $[(\ln \text{ น้ำหนักสุดท้าย} - \ln \text{ น้ำหนักเริ่มต้น}) / \text{จำนวนวันที่เลี้ยง}] \times 100$

- เปอร์เซ็นต์ซาก เก็บข้อมูลเปอร์เซ็นต์ dress-out (น้ำหนักปลาที่ตัดหัวและครักได้แล้วคิดเป็นร้อยละของน้ำหนักตัว) และ เปอร์เซ็นต์ fillet (น้ำหนักเนื้อปลาที่ได้จากการแล่เฉพาะเนื้อไม่รวมกระดูกและหนัง คิดเป็นร้อยละของน้ำหนักตัว) เก็บข้อมูลเปอร์เซ็นต์ซาก ตามวิธีของ Argue *et al.* (2003) เก็บข้อมูลโดยใช้ปลา 30 ตัว/กระชัง

- ศึกษาการตอบสนองทางภูมิคุ้มกันของปลาต่อเชื้อโรค สุ่มปลากระชังละ 5 ตัว นำมาเลี้ยงต่อในถังไฟเบอร์ เป็นเวลา 7 วัน วันเพื่อให้ปลาหายเครียด ทำการเจาะเลือด โดยเจาะจาก เส้นเลือดบริเวณหาง นำตัวอย่างเลือดมาศึกษาการตอบสนองทางภูมิคุ้มกันของปลาต่อเชื้อแบบไม่จำเพาะเจาะจงโดยขบวนการจับกินสิ่งแปลกปลอม ฟาโกไซโตซิส (Phagocytosis) ดัดแปลงจากวิธีของ Puangkaew *et al.* (2004) และ Wachirachaikarn *et al.* (2009) โดยมีวิธีการโดยสรุปคือ นำตัวอย่างเลือดของปลาแต่ละกลุ่มมารวมกัน แล้วแยก blood leucocytes (PBLs) ออกมา นำมานับจำนวนด้วย Haemocytometer และปรับความเข้มข้นให้เท่ากับ 2×10^6 เซลล์/มิลลิลิตร จากนั้นนำตัวอย่าง PBL ที่เจือจางแล้วมาหยดลงบน cover slips ตัวอย่างละ 3 แผ่น แล้วนำไปบ่มนาน 2 ชั่วโมง ที่อุณหภูมิ 25°C โดยใส่ไว้ใน chamber เมื่อได้เวลาแล้วนำสารแขวนลอยของยีสต์ความเข้มข้น 2×10^8 เซลล์/มิลลิลิตร หยดลงใน chamber แต่ละอัน บ่มไว้อีก 1 ชั่วโมง ที่อุณหภูมิ 25°C จากนั้นนำเซลล์มาย้อมด้วย Diff-Quick dye นำมานับจำนวน leucocytes ที่กินยีสต์ เพื่อคำนวณ phagocytic activity (PA: จำนวน leucocytes ที่กินยีสต์คิดเป็นร้อยละของจำนวน leucocytes ทั้งหมด) และ phagocytic index (PI: ร้อยละของจำนวน leucocyte ที่กินยีสต์มากกว่า 1 ตัว / จำนวน leucocytes ที่กินยีสต์ทั้งหมด) ทั้งนี้การคำนวณทำตามวิธีการของ Puangkaew *et al.* (2004)

การวิเคราะห์ข้อมูล

1. heterosis คำนวณโดยใช้ข้อมูลจากการทดลองที่ 1 ได้แก่ ลักษณะอัตราพัก การเจริญเติบโตจำเพาะ และอัตราการรอด และข้อมูลจากการทดลองที่ 2 ได้แก่ การเจริญเติบโตจำเพาะ เปอร์เซ็นต์ Dress-out เปอร์เซ็นต์ Fillet เปอร์เซ็นต์ phagocytic index เปอร์เซ็นต์ phagocytic activity และ อัตราการรอด คำนวณตามสูตรต่อไปนี้

$$\text{heterosis (H)} = \frac{\text{ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่} - \text{ค่าเฉลี่ยของลูกผสม}}{\text{ค่าเฉลี่ยของพ่อแม่}} \times 100$$

(Falconer and Mackay, 1996)

2. วิเคราะห์ความแปรปรวน (Analysis of Variance) โดยนำข้อมูล อัตราพัก การเจริญเติบโตจำเพาะ และอัตราการรอดในถังไฟเบอร์ และในกระชังที่แขวนในบ่อ ข้อมูลเปอร์เซ็นต์ซาก จากค่า เปอร์เซ็นต์

dress-out เปอร์เซ็นต์ fillet และการตอบสนองทางภูมิคุ้มกันของปลาต่อเชื้อโรค (ค่า PA และ PI) มาวิเคราะห์ความแปรปรวนตามแบบจำลองทางสถิติ 2 แบบต่อไปนี้ (คำนวณโดยใช้โปรแกรม SAS)

แบบจำลองที่ 1 ใช้ศึกษาเพื่อเปรียบเทียบการแสดงออกของลูกผสมที่เกิดจากพ่อสายพันธุ์ต่างๆ กัน และแม่สายพันธุ์ต่างๆ กัน

$$y_{ij} = \mu + \text{crossbred group}_i + e_{ij}$$

$$y_{ij} = \text{individual data}$$

$$\mu = \text{common mean}$$

$$\text{crossbred group}_i = \text{sire} \times \text{dam}$$

$$e_{ij} = \text{residual effect}$$

แบบจำลองที่ 2 ใช้ศึกษาผลของสายพันธุ์พ่อแม่ที่มีต่อลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจของลูกผสม

$$y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + AB_{ij} + e_{ijk}$$

$$y_{ijk} = \text{individual data}$$

$$\mu = \text{common mean}$$

$$A_i = \text{sire}_i$$

$$B_j = \text{dam}_j$$

$$AB_{ij} = \text{crossbred sire } A_i \times \text{dam } B_j$$

$$e_{ijk} = \text{residual effect}$$

เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าเฉลี่ยโดยวิธี

Bonferroni

บทที่ 4 ผลการวิจัย

ความแตกต่างทางพันธุกรรมของปลาดุกยักษ์และปลาดุกอุยจากแหล่งต่างๆ

เนื่องจากประชากรที่นำมาศึกษาในครั้งนี้ไม่มีข้อมูลแสดงให้เห็นว่าประชากรของปลาแต่ละชนิดนั้นมีพันธุกรรมต่างกัน ในการศึกษานี้จึงใช้เครื่องหมายพันธุกรรม microsatellite ศึกษาความแตกต่างทางพันธุกรรม ผลการศึกษาพบว่าปลาแต่ละประชากรแตกต่างกันทางพันธุกรรม โดยมีผลการศึกษาดังนี้

ค่า F_{ST} รวมทุกตำแหน่งมีค่าเท่ากับ 0.174 ± 0.037 และแตกต่างจาก 0 อย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ (ทดสอบด้วยวิธี Bootstrapping ที่ระดับความเชื่อมั่น 99%) แสดงว่าประชากรอย่างน้อยคู่ใดคู่หนึ่งมีความแตกต่างทางพันธุกรรม และพบว่าความหลากหลายภายในประชากรไม่สูงมากนัก (แสดงโดยค่า F_{IS} ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.067 ± 0.017) ในขณะที่ความหลากหลายระหว่างประชากรอยู่ในระดับสูง (แสดงโดยค่า F_{IT} ซึ่งมีค่าเท่ากับ 0.230 ± 0.035)

การทดสอบความแตกต่างระหว่างประชากรโดยการเปรียบเทียบความถี่อัลลีล ระหว่างคู่ประชากรด้วยวิธี Markov chain พบว่ามีความแตกต่างทางพันธุกรรมในระดับมีนัยสำคัญยิ่ง ($P < 0.01$) ระหว่างทุกคู่ประชากร (ปลาดุกอุย 3 ประชากร และปลาดุกยักษ์ 3 ประชากร)

ค่าระยะห่างทางพันธุกรรมของปลาดุกยักษ์ 3 ประชากร และปลาดุกอุย 3 ประชากร คำนวณโดยวิธีของ Cavalli-Sforza and Edward มีค่าอยู่ระหว่าง 0.0310 (ประชากรปลาดุกยักษ์ Cga-RY กับประชากรปลาดุกยักษ์ Cga-AQ) ถึง 0.1393 (ประชากรปลาดุกอุย Cma-UD กับประชากรปลาดุกยักษ์ Cga-AQ) (ตารางที่ 2)

Table 2 Genetic distances (Cavalli-Sforza and Edward) among three strains each of Thai walking catfish and African catfish.

population	Cma-NS	Cma- AQ	Cma-UD	Cga-NR	Cga-RY
Cma-AQ	0.038229	*			
Cma-UD	0.031295	0.044277	*		
Cga-NR	0.138693	0.134094	0.140614	*	
Cga-RY	0.133573	0.132336	0.139261	0.040674	*
Cga-AQ	0.134965	0.137988	0.139389	0.065880	0.031011

แผนผังความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของประชากร (ภาพที่ 1) แยกประชากรปลาดุกอุยออกจากปลาดุกยักษ์อย่างชัดเจน และมีค่า bootstrap สูง (83-100%) โดยเมื่อพิจารณาความสัมพันธ์ระหว่างปลาดุกอุยกับปลาดุกยักษ์ ที่ละคู่ จะพบว่า ปลาดุกอุย จากอุดรธานี (Cma-UD) มีความแตกต่างจากปลาดุกยักษ์มากที่สุด โดยเฉพาะอย่างยิ่งแตกต่างจาก ประชากร Cga-RY และ Cga-AQ มากที่สุด ส่วนคู่ที่ใกล้เคียง

กันมากที่สุดคือ ปลาดุกอุย Cma-AQ กับปลาดุกยักษ์ Cga-NR ส่วนปลาดุกอุย Cma-NS ต่างจากปลาดุกยักษ์ Cga-RY และ Cga-AQ มากกว่า Cga-NR

ลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจของลูกผสมต่างคู่ผสม

อัตราฟัก

อัตราฟักของปลาดุกอุย 3 สายพันธุ์มีค่าอยู่ในช่วง $37.38 \pm 3.08\%$ - $45.10 \pm 15.39\%$ ส่วนปลาดุกยักษ์มีอัตราฟักระหว่าง $30.68 \pm 4.96\%$ - $51.72 \pm 13.31\%$ และลูกผสมมีอัตราฟัก $33.24 \pm 5.97\%$ - $51.33 \pm 12.09\%$ อัตราการฟักของทุกคู่ผสมไม่มีความแตกต่างทางสถิติ ($F=1.83$; $P=0.0811$) (ตารางที่ 3)

อย่างไรก็ตามจากการวิเคราะห์ด้วยโมเดลที่ 2 พบว่าสายพันธุ์พ่อ (ปลาดุกยักษ์) มีอิทธิพลต่ออัตราการฟักอย่างมีนัยสำคัญ ($F=4.37$; $P=0.0284$) ส่วนสายพันธุ์แม่ (ปลาดุกอุย) ไม่มีอิทธิพลต่ออัตราการฟัก ($F=2.97$; $P=0.0768$) เช่นเดียวกับปฏิสัมพันธ์ระหว่างสายพันธุ์พ่อแม่อีกไม่มีอิทธิพลต่ออัตราการฟัก เช่นเดียวกัน ($F=0.58$; $P=0.6826$)

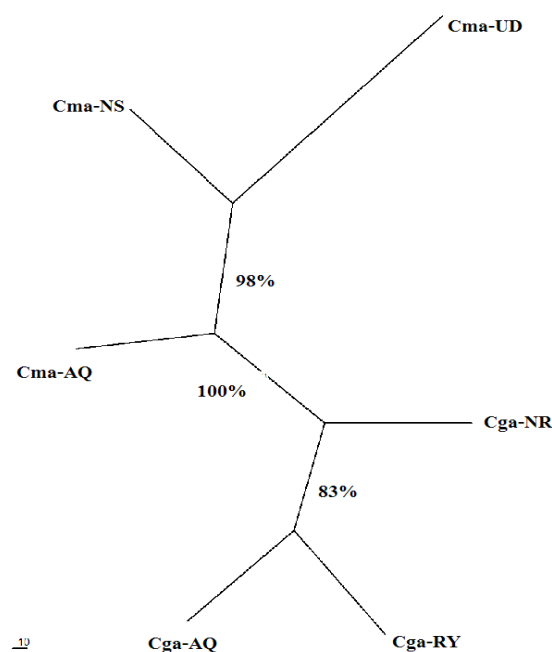


Figure 1 A phylogenetic dendrogram (UPGMA) showing genetic relationship between three strains each of Thai walking catfish and African catfish based on five microsatellite loci.

การเจริญเติบโตจำเพาะ (SGR)

ระยะ 4-12 สัปดาห์: เมื่อปลาอายุ 12 สัปดาห์ ปลาอุกอุยมีน้ำหนักเฉลี่ย $4.45 \pm 0.45 - 5.69 \pm 0.11$ กรัม ปลาอุกยักษ์มีน้ำหนักเฉลี่ย $9.62 \pm 0.90 - 13.22 \pm 0.65$ กรัม ส่วนลูกผสมมีน้ำหนักเฉลี่ย $7.70 \pm 0.18 - 9.72 \pm 0.24$ กรัม น้ำหนักตัวมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ อย่างไรก็ตามเนื่องจากน้ำหนักเริ่มต้นมีความแตกต่างกันทางสถิติ (ตารางที่ 3) เช่นเดียวกัน จึงใช้ค่า SGR ในการเปรียบเทียบการเจริญเติบโต

ค่า SGR ของลูกผสมอยู่ในช่วง 11.88 ± 0.16 (Cma-Aqx Cga-NR) - 14.64 ± 0.74 gd^{-1} (Cma-Udx Cga-AQ) และพบความแตกต่างระหว่างกลุ่มอย่างน้อย 1 คู่ ($F=7.23$; $P<0.0001$) โดยกลุ่มที่มีอัตราการเจริญเติบโตดีที่สุดคือ Cma-Udx Cga-AQ โดยมีอัตราการเจริญเติบโตจำเพาะสูงกว่า กลุ่ม Cma-AQ, Cma-NSx Cga-NR, Cma-Udx Cga-NR, Cma-AQx Cga-NR และ Cma-AQx Cga-AQ อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P<0.05$) แต่ไม่แตกต่างจากกลุ่มอื่นๆทางสถิติ (รายละเอียดในตารางที่ 3) ภาพปลาอุกยักษ์ ปลาอุกอุยและลูกผสมแสดงไว้ในภาพที่ 2



Figure 2 A picture showing *Clarias gariepinus* (above), *C. macrocephalus* (below) and the hybrid (middle)

ผลการวิเคราะห์ตามโมเดลที่ 2 พบว่าปัจจัยที่มีผลต่อ SGR ระหว่างช่วง 4-12 สัปดาห์ ของลูกผสม ได้แก่สายพันธุ์พ่อ ($F=10.25$; $P=0.0011$) สายพันธุ์แม่ ($F=9.90$; $P=0.0013$) และปฏิสัมพันธ์ระหว่างสาย

พันธุ์พ่อ-แม่ ($F=3.20$; $P=0.0377$) โดยสายพันธุ์แม่ Cma-NS และ Cma-UD ให้ SGR เฉลี่ยของลูกผสมสูงกว่า Cma-AQ ส่วนสายพันธุ์พ่อนั้น Cga-RY และ Cga-AQ ให้ลูกผสมที่มี SGR เฉลี่ยสูงกว่า Cga-NR

ระยะ 12-25 สัปดาห์: เมื่ออายุ 25 สัปดาห์ ปลาทดลองมีน้ำหนักตัวแตกต่างกันระหว่างกลุ่มอย่างชัดเจน โดยในภาพรวมปลาทุกกลุ่มมีขนาดเล็กที่สุด มีน้ำหนักเฉลี่ย $47.29 \pm 5.83 - 59.20 \pm 3.88$ กรัม ปลาทุกกลุ่มมีขนาดใหญ่ที่สุด มีน้ำหนักเฉลี่ย $196.11 \pm 7.69 - 354.41 \pm 26.59$ กรัม ลูกผสมมีขนาดระหว่างปลาคูอยู่ และปลาคูยักษ์ โดยมีน้ำหนักระหว่าง $113.47 \pm 11.59 - 166.21 \pm 13.26$ กรัม และเนื่องจากน้ำหนักเริ่มต้นมีความแตกต่างกันทางสถิติ ในการเปรียบเทียบระหว่างกลุ่มจึงใช้ค่า SGR

จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนของกลุ่มโดยตรง (โมเดล 1) พบว่า SGR ของกลุ่มมีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญอย่างน้อย 1 คู่ ($F=17.56$; $P<0.0001$) โดยพบว่า ลูกผสมมี SGR ไม่แตกต่างกันทางสถิติทุกคู่ แต่เมื่อเทียบกับปลาคูยักษ์ โดยเฉพาะ Cga-AQ ลูกผสมเกือบทุกกลุ่มมีค่า SGR ต่ำกว่าปลาคูยักษ์สายพันธุ์นี้ ยกเว้นลูกผสมระหว่าง Cma-UdxCga-AQ ($10.08 \pm 0.51 \text{ gd}^{-1}$) ลูกผสมคู่นี้มี SGR สูงกว่าสายพันธุ์แม่ทุกสายพันธุ์อย่างมีนัยสำคัญ ในขณะที่ลูกผสมอื่น ๆ มีค่า SGR ไม่แตกต่างจากสายพันธุ์แม่

เมื่อวิเคราะห์อิทธิพลของสายพันธุ์ตามโมเดล 2 พบว่า สายพันธุ์ไม่มีอิทธิพลต่อ SGR ของลูกผสมในระยะ 13-25 สัปดาห์ ($F_{\text{male}}=1.83$; $P=0.1893$, $F_{\text{female}}=0.92$; $P=0.4159$, $F_{\text{male*female}}=2.93$; $P=0.0500$) โดยมีค่า SGR ของลูกผสมอยู่ในช่วง $9.14 \pm 0.19 - 10.08 \pm 0.51 \text{ gd}^{-1}$ (ตารางที่ 11)

อัตรารอด

ระยะ 4-12 สัปดาห์: เมื่อสิ้นสุดสัปดาห์ที่ 12 อัตรารอดของลูกผสมทุกกลุ่ม (วิเคราะห์ตามโมเดล 1) ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ ($F=1.35$; $P=0.2417$) โดยมีค่าอยู่ในช่วง $62.50 \pm 1.07\% - 64.65 \pm 0.43\%$ (ตารางที่ 3) และไม่แตกต่างจากอัตรารอดเฉลี่ยของชนิดพ่อแม่ (ปลาคูยักษ์และปลาคูอยู่) การวิเคราะห์อิทธิพลของสายพันธุ์แสดงว่า สายพันธุ์ไม่มีอิทธิพลต่ออัตรารอดของลูกผสม ที่อายุ 12 สัปดาห์ ($F_{\text{male}}=2.99$; $P=0.0758$, $F_{\text{female}}=0.90$; $P=0.4240$, $F_{\text{male*female}}=2.19$; $P=0.1117$) (ตารางที่ 4)

ระยะ 13-25 สัปดาห์: ผลการวิเคราะห์ตามโมเดลที่ 1 ซึ่งวิเคราะห์ความแปรปรวนของแต่ละกลุ่มโดยตรง พบว่า อัตรารอดมีความแตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญระหว่างกลุ่มอย่างน้อย 1 คู่ ($F=3.69$; $P=0.0016$) โดยปลาลูกผสมทุกคู่อัตรารอดไม่แตกต่างกันทางสถิติ มีค่าระหว่าง $59.55 \pm 7.62\% - 69.96 \pm 3.16\%$ (ตารางที่ 5) ส่วนกลุ่มของชนิดพ่อแม่ส่วนใหญ่มีอัตราการเจริญเติบโตไม่แตกต่างทางสถิติกับลูกผสมเช่นเดียวกัน ยกเว้น Cma-AQ และ Cma-NS ซึ่งมีอัตรารอดต่ำกว่าลูกผสม

จากการวิเคราะห์อิทธิพลของสายพันธุ์พ่อแม่ (โมเดล 2) แสดงว่าสายพันธุ์พ่อแม่และปฏิสัมพันธ์ระหว่างพ่อแม่ ไม่มีอิทธิพลต่ออัตรารอดของลูกผสม ($F_{\text{male}}=0.73$; $P=0.4950$, $F_{\text{female}}=1.88$; $P=0.1817$, $F_{\text{male*female}}=0.41$; $P=0.7974$)

เปอร์เซ็นต์ซาก (dress-out percentage; percent fillet yield)

Dress-out percentage ของแต่ละกลุ่มไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($F=1.56$; $P=0.1545$) เช่นเดียวกับ percent fillet yield ($F=1.39$; $P=0.2239$) โดย dress-out percentage ของปลาอุกกลุ่มผสมมีค่าอยู่ในช่วง $49.54 \pm 1.94\%$ ถึง $52.01 \pm 1.64\%$ ส่วน เปอร์เซ็นต์ fillet ของ ปลาอุกกลุ่มผสมอยู่ในช่วง $40.93 \pm 1.60\%$ ถึง $42.43 \pm 0.98\%$ (ตารางที่ 5)

ในทำนองเดียวกัน สายพันธุ์ไม่มีผลต่อ dress-out percentage ของปลาอุกกลุ่มผสม ($F_{male}=3.12$; $P=0.688$, $F_{female}=0.45$; $P=0.6418$, $F_{male*female}=0.68$; $P=0.6152$) เช่นเดียวกับ percent fillet yield ($F_{male}=0.39$; $P=0.6828$, $F_{female}=0.07$; $P=0.9348$, $F_{male*female}=1.48$; $P=0.2488$)

เมื่อวิเคราะห์อิทธิพลของสายพันธุ์ตามโมเดล 2 พบว่า สายพันธุ์ไม่มีอิทธิพลต่อ SGR ของลูกผสม ในระยะ 13-25 สัปดาห์ ($F_{male}=1.83$; $P=0.1893$, $F_{female}=0.92$; $P=0.4159$, $F_{male*female}=2.93$; $P=0.0500$) โดยมีค่า SGR ของลูกผสมอยู่ในช่วง 9.14 ± 0.19 - $10.08 \pm 0.51 \text{gd}^{-1}$ (ตารางที่ 11)

อัตราการรอด

ระยะ 4-12 สัปดาห์: เมื่อสิ้นสุดสัปดาห์ที่ 12 อัตราการรอดของลูกผสมทุกกลุ่ม (วิเคราะห์ตามโมเดล 1) ไม่มีความแตกต่างทางสถิติ ($F=1.35$; $P=0.2417$) โดยมีค่าอยู่ในช่วง $62.50 \pm 1.07\%$ - $64.65 \pm 0.43\%$ (ตารางที่ 3) และไม่แตกต่างจากอัตราการรอดเฉลี่ยของชนิดพ่อแม่ (ปลาดุกยักษ์และปลาดุกอุย) การวิเคราะห์อิทธิพลของสายพันธุ์แสดงว่า สายพันธุ์ไม่มีอิทธิพลต่ออัตราการรอดของลูกผสม ที่อายุ 12 สัปดาห์ ($F_{male}=2.99$; $P=0.0758$, $F_{female}=0.90$; $P=0.4240$, $F_{male*female}=2.19$; $P=0.1117$) (ตารางที่ 4)

ระยะ 13-25 สัปดาห์: ผลการวิเคราะห์ตามโมเดลที่ 1 ซึ่งวิเคราะห์ความแปรปรวนของแต่ละกลุ่มโดยตรง พบว่า อัตราการรอดมีความแตกต่างทางสถิติอย่างมีนัยสำคัญระหว่างกลุ่มผสมอย่างน้อย 1 คู่ ($F=3.69$; $P=0.0016$) โดยปลาลูกผสมทุกคู่มีอัตราการรอดไม่แตกต่างกันทางสถิติ มีค่าระหว่าง $59.55 \pm 7.62\%$ - $69.96 \pm 3.16\%$ (ตารางที่ 5) ส่วนกลุ่มผสมของชนิดพ่อแม่ส่วนใหญ่มีอัตราการเจริญเติบโตไม่แตกต่างทางสถิติกับลูกผสมเช่นเดียวกัน ยกเว้น Cma-AQ และ Cma-NS ซึ่งมีอัตราการรอดต่ำกว่าลูกผสม

จากการวิเคราะห์อิทธิพลของสายพันธุ์พ่อแม่ (โมเดล 2) แสดงว่าสายพันธุ์พ่อแม่และปฏิสัมพันธ์ระหว่างพ่อแม่ ไม่มีอิทธิพลต่ออัตราการรอดของลูกผสม ($F_{male}=0.73$; $P=0.4950$, $F_{female}=1.88$; $P=0.1817$, $F_{male*female}=0.41$; $P=0.7974$)

เปอร์เซ็นต์ซาก (dress-out percentage; percent fillet yield)

Dress-out percentage ของแต่ละกลุ่มไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ ($F=1.56$; $P=0.1545$) เช่นเดียวกับ percent fillet yield ($F=1.39$; $P=0.2239$) โดย dress-out percentage ของปลาดุกกลุ่มผสมมีค่าอยู่ในช่วง $49.54 \pm 1.94\%$ ถึง $52.01 \pm 1.64\%$ ส่วน เปอร์เซ็นต์ fillet ของ ปลาอุกกลุ่มผสมอยู่ในช่วง $40.93 \pm 1.60\%$ ถึง $42.43 \pm 0.98\%$ (ตารางที่ 5)

ในทำนองเดียวกัน สายพันธุ์ไม่มีผลต่อ dress-out percentage ของปลาตุลุมผสม ($F_{male}=3.12$; $P=0.688$, $F_{female}=0.45$; $P=0.6418$, $F_{male*female}=0.68$; $P=0.6152$) เช่นเดียวกับ percent fillet yield ($F_{male}=0.39$; $P=0.6828$, $F_{female}=0.07$; $P=0.9348$, $F_{male*female}=1.48$; $P=0.2488$)

Table 3 Mean±SD of hatching rate (%), initial weight (g), final weight (g), specific growth rate (SGR; %d⁻¹) and survival rate (%) of three strains each of Thai walking catfish and African catfish and the hybrids. The fish were reared in tanks during 4-12 week-old.

Strains/Crosses (female x male)	Hatching rate (%)	Initial weight (g)	Final weight (g)	SGR (%d ⁻¹)	Survival rate (%)
Cma-NS	37.38±3.08 ^A	0.08±0.01 ^F	4.45±0.45 ^G	14.24±0.95 ^{AB}	57.11 ± 8.96 ^A
Cma-UD	45.10±15.39 ^A	0.08±0.00 ^F	4.85±0.40 ^{FG}	14.69±0.43 ^A	60.68 ± 6.02 ^A
Cma-AQ	42.75±3.58 ^A	0.17±0.01 ^{CDEF}	5.69±0.11 ^{EF}	12.45±0.32 ^{BCD}	62.80 ± 3.01 ^A
Cga-NR	30.68±4.96 ^A	0.22±0.02 ^{BCDE}	9.621±0.90 ^{BC}	13.42±0.37 ^{ABCD}	62.98 ± 1.66 ^A
Cga-RY	51.72±13.31 ^A	0.27±0.04 ^{AB}	10.16±0.65 ^B	12.94±0.23 ^{ABCD}	64.65 ± 0.43 ^A
Cga-AQ	49.99±14.05 ^A	0.26±0.02 ^{ABCD}	13.22±0.65 ^A	13.99±0.52 ^{ab}	64.65 ± 0.43 ^A
Cma-NS X Cga-NR	34.27±3.38 ^A	0.22±0.02 ^{BCDE}	7.71±0.27 ^{BCDE}	12.68±0.68 ^{bcd}	63.44 ± 0.72 ^A
Cma-UD X Cga-NR	37.43±3.80 ^A	0.26±0.02 ^{ABCD}	8.98±0.48 ^{BCD}	12.65±0.52 ^{bcd}	64.16 ± 0.00 ^A
Cma-AQ X Cga-NR	33.24±5.97 ^A	0.35±0.01 ^A	9.72±0.24 ^{BC}	11.88±0.16 ^d	62.50 ± 1.07 ^A
Cma-NS X Cga-RY	44.50±4.41 ^A	0.15±0.02 ^{EF}	7.34±0.27 ^{CDEF}	13.87±0.57 ^{abc}	62.96 ± 0.42 ^A
Cma-UD X Cga-RY	40.51±3.43 ^A	0.16±0.02 ^{DEF}	6.84±0.34 ^{DEFG}	13.42±1.00 ^{abcd}	63.68 ± 0.42 ^A
Cma-AQ X Cga-RY	33.69±5.19 ^A	0.18±0.01 ^{CDEF}	7.71±0.50 ^{BCDE}	13.30±0.61 ^{abcd}	63.68 ± 0.83 ^A
Cma-NS X Cga-AQ	47.67±16.22 ^A	0.16±0.14 ^{DEF}	8.16±0.23 ^{BCDE}	13.95±0.48 ^{ab}	63.93 ± 1.11 ^A
Cma-UD X Cga-AQ	51.33±12.09 ^A	0.12±0.02 ^{EF}	7.70±0.18 ^{BCDE}	14.64±0.74 ^a	63.92±1.11 ^A
Cma-AQ X Cga-AQ	38.06±2.42 ^A	0.33±0.04 ^{AB}	9.52±0.59 ^{BC}	12.08±0.41 ^{cd}	64.65±0.43 ^A

Means in the same column superscripted with different letters are significantly different ($P<0.05$)

Table 4 Mean $\pm$ SD of hatching rate (%), specific growth rate (SGR; %d⁻¹) and survival rate (%) of offspring from 3 paternal/maternal strains crossed with each maternal/paternal strains reared in tanks during 4-12 week-old.

Species/Strains	Hatching rate (%)	Specific growth rate (gd ⁻¹)	Survival rate (%)
Maternal strains			
Cma-NS	42.10 $\pm$ 10.49 ^X	13.50 $\pm$ 0.79 ^X	63.44 $\pm$ 0.80 ^X
Cma-UD	43.09 $\pm$ 9.11 ^X	13.57 $\pm$ 1.10 ^X	63.92 $\pm$ 0.62 ^X
Cma-AQ	35.00 $\pm$ 4.73 ^X	12.42 $\pm$ 0.76 ^Y	63.61 $\pm$ 1.17 ^X
Paternal strains			
Cga-NR	34.99 $\pm$ 1.45 ^B	12.41 $\pm$ 0.20 ^B	63.37 $\pm$ 0.32 ^A
Cga-RY	39.57 $\pm$ 2.03 ^{AB}	13.53 $\pm$ 0.23 ^A	63.44 $\pm$ 0.21 ^A
Cga-AQ	45.69 $\pm$ 3.93 ^A	13.56 $\pm$ 0.42 ^A	64.17 $\pm$ 0.30 ^A

Means in the same column superscripted by different letters are significantly different ($P < 0.05$)

ฟาโกไซโตซิส (Phagocytosis)

การตอบสนองทางภูมิคุ้มกันของปลาต่อเชื้อแบคทีเรียไม่จำเพาะเจาะจงโดยขบวนการจับกินสิ่งแปลกปลอม ฟาโกไซโตซิส โดยศึกษาจากค่า เปอร์เซ็นต์ phagocytic index และ phagocytic activity จากการวิเคราะห์ความแปรปรวนระหว่างค่าเฉลี่ยของปลาที่เกิดจากแต่ละกลุ่ม พบว่าไม่มีความแตกต่างทางสถิติระหว่างกลุ่ม ($F=0.70$; $P=0.7559$ สำหรับ Phagocytic activity; $F=0.55$; $P=0.8734$ สำหรับ Phagocytic index) กลุ่มผสม มีค่า phagocytic index อยู่ในช่วง 5.93 ± 0.35 - 6.20 ± 0.91 และค่า เปอร์เซ็นต์ phagocytic activity อยู่ในช่วง $44.97 \pm 5.85\%$ - $46.86 \pm 4.73\%$ ส่วนกลุ่มผสมปลาอุกอุยแต่ละสายพันธุ์ มีค่า phagocytic index อยู่ในช่วง 5.76 ± 0.51 - 6.46 ± 0.39 และค่า เปอร์เซ็นต์ phagocytic activity อยู่ในช่วง $42.22 \pm 4.36\%$ - $49.70 \pm 3.09\%$ ส่วนกลุ่มผสมปลาอุกยักษ์มีค่า phagocytic activity ระหว่าง $44.13 \pm 3.65\%$ - $52.16 \pm 4.18\%$ และค่า phagocytic index ระหว่าง 5.88 ± 0.57 - 6.42 ± 0.18 (ตารางที่ 5)

สายพันธุ์ไม่มีผลต่อเปอร์เซ็นต์ phagocytic index ($F_{male}=0.44$; $P=0.6693$, $F_{female}=0.16$; $P=0.8545$, $F_{male*female}=4.11$; $P=0.6422$) และ เปอร์เซ็นต์ phagocytic activity ($F_{male}=0.91$; $P=0.4703$, $F_{female}=0.90$; $P=0.4703$, $F_{male*female}=0.37$; $P=0.8244$) ของปลาดุกกลุ่มผสมโดย เปอร์เซ็นต์ phagocytic index ของ ปลาดุกกลุ่มผสมอยู่ในช่วง $42.55 \pm 8.82\%$ ถึง $49.93 \pm 5.11\%$ ส่วนค่าเปอร์เซ็นต์ phagocytic activity ของปลาดุกกลุ่มผสมอยู่ในช่วง $5.66 \pm 0.89\%$ ถึง $6.36 \pm 0.52\%$ (ตารางที่ 6)

Table 5 Mean±SD of initial weight (week 12, g), final weight (week 25, g), specific growth rate (SGR; %d⁻¹), dress-out percentage (%), fillet yield (%), phagocytic activity (PA, %), phagocytic index (PI) and survival rate (%) of three strains each of Thai walking catfish and African catfish and the hybrids reared in tanks during 12-25 week-old. Means in the same column superscripted with different letters are significantly different ($P<0.05$).

Crosses strain (female x male)	Initial weight (g)	Final weight (g)	SGR (%d ⁻¹)	Dress-out (%)	Fillet yield (%)	PA (%)	PI	Survival (%)
Cma-NS	4.96±0.04 ^H	54.22±2.52 ^F	8.54±0.28 ^D	52.09±0.69 ^A	42.21±1.24 ^A	44.71±6.21 ^A	6.01±0.39 ^A	52.88±2.99 ^{BC}
Cma-UD	5.03±0.03 ^H	59.20±3.88 ^F	8.41±0.72 ^{DE}	51.38±1.24 ^A	41.00±1.94 ^A	49.70±3.09 ^A	5.76±0.51 ^A	56.84±3.81 ^{ABC}
Cma-AQ	6.35±0.04 ^G	47.29±5.83 ^F	7.11±0.77 ^E	50.41±0.22 ^A	40.11±0.85 ^A	42.22±4.36 ^A	6.46±0.39 ^A	47.75±3.32 ^C
Cga-NR	11.11±0.02 ^B	233.59±12.73 ^B	10.87±0.34 ^{AB}	50.05±0.93 ^A	41.10±0.89 ^A	52.16±4.18 ^A	5.88±0.57 ^A	64.11±0.58 ^{ABC}
Cga-RY	10.92±0.04 ^{BC}	196.11±7.69 ^C	10.31±0.22 ^{ABC}	50.34±0.44 ^A	41.81±0.26 ^A	44.54±2.26 ^A	6.02±0.00 ^A	65.56±1.10 ^{AB}
Cga-AQ	16.02±0.02 ^A	354.41±26.59 ^A	11.04±0.47 ^A	51.21±0.65 ^A	42.02±1.57 ^A	44.13±3.65 ^A	6.42±0.18 ^A	66.94±5.22 ^{AB}
Cma-NS X Cga-NR	9.76±0.25 ^D	138.93±10.29 ^{DE}	9.47±0.32 ^{CD}	51.56±0.43 ^A	41.53±0.72 ^A	43.55±8.34 ^A	5.97±0.60 ^A	69.96±3.16 ^A
Cma-UD X Cga-NR	11.09±0.09 ^B	147.85±2.61 ^{DE}	9.25±0.16 ^{CD}	51.70±0.60 ^A	42.18±0.65 ^A	45.08±6.27 ^A	6.11±0.15 ^A	63.00±13.01 ^{ABC}
Cma-AQ X Cga-NR	10.68±0.13 ^C	138.20±3.69 ^{DE}	9.14±0.19 ^{CD}	52.01±1.64 ^A	42.43±0.98 ^A	46.29±4.72 ^A	5.71±0.05 ^A	59.55±7.62 ^{ABC}
Cma-NS X Cga-RY	8.99±0.08 ^E	121.66±4.48 ^E	9.30±0.17 ^{CD}	50.59±1.12 ^A	42.12±0.52 ^A	49.93±5.11 ^A	5.66±0.89 ^A	65.04±4.64 ^{AB}
Cma-UD X Cga-RY	8.42±0.08 ^F	113.47±11.59 ^E	9.25±0.60 ^{CD}	51.01±1.36 ^A	42.09±1.07 ^A	44.31±5.92 ^A	5.87±0.50 ^A	64.5 ±1.86 ^{ABC}
Cma-AQ X Cga-RY	8.33±0.21 ^F	120.74±2.66 ^E	9.55±0.05 ^{BCD}	49.54±1.94 ^A	40.93±1.6 ^A	47.36±3.28 ^A	6.20±0.15 ^A	62.34±5.67 ^{ABC}
Cma-NS X Cga-AQ	10.78±0.23 ^{BC}	149.00±6.63 ^{DE}	9.37±0.20 ^{CD}	51.48±1.07 ^A	41.96±0.09 ^A	46.92±1.91 ^A	5.88±0.19 ^A	68.98±5.70 ^{AB}
Cma-UD X Cga-AQ	9.81±0.02 ^D	166.21±13.26 ^{CD}	10.08±0.51 ^{ABC}	50.74±0.56 ^A	41.76±0.84 ^A	48.36±0.69 ^A	6.29±0.00 ^A	66.67±1.92 ^{AB}
Cma-AQ X Cga-AQ	11.11±0.13 ^B	149.51±9.18 ^{DE}	9.27±0.37 ^{CD}	50.62±0.97 ^A	42.31±0.38 ^A	42.55±8.82 ^A	6.36±0.52 ^A	65.53±1.06 ^{AB}

Table 6 Mean±SD of specific growth rate (SGR; %d⁻¹), dress-out percentage (%), fillet yield (%), phagocytic activity-PA (%), phagocytic index and survival rate (%) of offspring from 3 paternal/maternal strains crossed with each maternal/paternal strains reared in net-cages fixed in earthen ponds during 12 - 25 week-old. No significant different among means in the same column ($P>0.05$).

Maternal/paternal strain	SGR (%d ⁻¹)	Dress-out percentage (%)	Fillet yeild (%)	PA (%)	PI	Survival rate (%)
Cma-NS	9.37±0.22	51.21 ± 0.93	41.87 ± 0.51	44.71±6.21	6.01±0.39	67.99 ± 4.59
Cma-UD	9.52±0.57	51.15 ± 0.90	42.00 ± 0.77	49.70±3.09	5.76±0.51	64.72 ± 6.83
Cma-AQ	9.32±02.7	50.72 ± 1.73	41.88 ± 1.19	42.22±4.36	6.46±0.39	62.47 ± 5.43
Cga-NR	9.28±0.24	51.76 ± 0.92	42.04 ± 0.79	44.97±5.85	5.93±0.35	64.17 ± 8.96
Cga-RY	9.36±0.34	50.38 ± 1.46	41.71 ± 1.16	46.86±4.73	5.94±0.49	63.96 ± 3.97
Cga-AQ	9.57±0.50	50.94 ± 0.87	42.00 ± 0.52	45.46±5.86	6.20±0.91	67.06 ± 3.41

เฮตเทอโรซิส (Heterosis)

ค่าเฮตเทอโรซิสที่แสดงออกในลูกผสม ที่อายุ 12 สัปดาห์ ในลักษณะอัตราพัก มีค่าเฮตเทอโรซิสอยู่ในช่วง -42.33 % และ 15.71% (ตารางที่ 7) โดยค่าเฮตเทอโรซิสของลูกผสม Cma-NS X Cga-AQ มีค่าสูงที่สุด (15.71%) รองลงมาได้แก่ลูกผสม Cma-UD X Cga-AQ คู่ผสมนอกจากนี้มีเฮตเทอโรซิสต่ำ และ 5 คู่ผสมให้ค่าเฮตเทอโรซิสติดลบ

เฮตเทอโรซิสของค่า SGR ที่ 12 สัปดาห์มีค่าค่อนข้างต่ำ โดยมีค่าเป็นบวก ในลูกผสมเพียง 3 คู่ ได้แก่ Cma-AQ X Cga-RY (4.77%) Cma-UD X Cga-AQ (2.12%) และ Cma-NS X Cga-RY (2.04%) คู่ผสมอื่นๆ มีค่าเฮตเทอโรซิสของ SGR เป็นลบ (ตารางที่ 7) สำหรับ SGR ระหว่าง 12-25 สัปดาห์ มีค่าเป็นบวกในลูกผสมเพียง 4 คู่ โดยคู่ผสมที่มีค่าเฮตเทอโรซิสสูง 2 ลำดับแรกในระยะ 4-12 สัปดาห์ ก็ยังแสดงค่าเฮตเทอโรซิสสูงเช่นเดียวกัน (9.60% และ 3.71% สำหรับ Cma-AQ X Cga-RY และ Cma-UD X Cga-AQ ตามลำดับ) (ตารางที่ 8)

ส่วนเฮตเทอโรซิสของอัตราการรอดมีค่าเป็นบวกในลูกผสมแทบทั้งหมด โดยมีค่าสูงสุดสำหรับ Cma-NS X Cga-NR (5.65%) รองลงมาได้แก่ Cma-NS x Cga-AQ (5.00%) Cma-UD x Cga-NR (3.76%) Cma-NS x Cga-RY (3.14%) (ตารางที่ 7) อัตราการรอดระหว่าง 12-25 สัปดาห์ มีค่าเฮตเทอโรซิสเป็นบวกในทุกคู่ผสม โดยมีค่าสูงตั้งแต่ 10% ขึ้นไปในคู่ผสม 4 คู่ เรียงตามลำดับค่าสูงไปหาต่ำ ดังนี้ Cma-NS X Cga-NR (19.59%) Cma-NS x Cga-AQ (15.13%) Cma-AQ x Cga-AQ (14.27%) และ Cma-AQ x Cga-RY (10.04%) เป็นที่น่าสังเกตว่าลูกผสมที่มีค่าเฮตเทอโรซิสสูง ส่วนใหญ่จะแสดงค่าสูงทั้งสองระยะการเลี้ยง (ตารางที่ 8)

ค่าเฮตเทอโรซิส ที่อายุ 25 สัปดาห์ ของลักษณะเปอร์เซ็นต์ dress-out มีค่าค่อนข้างต่ำ และส่วนใหญ่มีค่าติดลบ โดยคู่ผสมที่มีค่าเฮตเทอโรซิสค่อนข้างสูงกว่าคู่อื่นๆ ได้แก่ Cma-AQ x Cga-NR (3.55%) และน่าสังเกตว่าคู่ผสมนี้มีค่าเฮตเทอโรซิสของลักษณะ fillet yield สูงสุดเช่นเดียวกัน (4.48%) คล้ายกับคู่ Cma-UD x Cga-NR ซึ่งมีค่าเฮตเทอโรซิสของเปอร์เซ็นต์ dress-out และ fillet yield ค่อนข้างสูงกว่าคู่อื่นๆ (1.95% และ 2.74% ตามลำดับ) ส่วน Cma-AQ X Cga-AQ มีค่าเฮตเทอโรซิสของเปอร์เซ็นต์ dress-out ต่ำมาก (-0.38%) แต่เฮตเทอโรซิสของเปอร์เซ็นต์ fillet yield ค่อนข้างสูง (3.02%)

สำหรับเปอร์เซ็นต์ phagocytic activity มีค่าเฮตเทอโรซิสเป็นบวกในลูกผสม 4 คู่ โดยมีค่าค่อนข้างสูงเมื่อเทียบกับลักษณะอื่นๆ โดย Cma-NS x Cga-RY มีค่า 11.89% รองลงมาได้แก่ Cma-AQ X Cga-RY (9.17%) Cma-NS X Cga-AQ (5.62%) และ Cma-UD x Cga-AQ (3.07%) ส่วน phagocytic index มีค่าเฮตเทอโรซิสเกิน 1 ในคู่ผสม 2 คู่เท่านั้น ได้แก่ Cma-UD x Cga-NR (4.95%) และ Cma-UD x Cga-AQ (3.25%)

ร้อยละของเฮเทอโรซิสที่เป็นค่าบวก (4-12 สัปดาห์) (พิจารณาทุกลักษณะ) แสดงไว้ในตารางที่ 7 โดยพบว่า ลูกผสม มีค่าเฮเทอโรซิสเป็นบวกทุกลักษณะ หรือ 100 เปอร์เซ็นต์ ได้แก่ลูกผสม Cma-NS x Cga-RY และ Cma-UD x Cga-AQ

ร้อยละของเฮเทอโรซิสที่เป็นค่าบวก (12-25 สัปดาห์) เมื่อพิจารณาทุกลักษณะพบว่า ลูกผสม Cma-UD X Cma-AQ มีค่าเฮเทอโรซิสเป็นบวกมากที่สุด คือ 83.33 % (5 ใน 6 ลักษณะ) และลูกผสม Cma-NS X Cga-NR, Cma-NS X CgaRY, Cma-UD X CgaRY, Cma-AQ X CgaRY และ Cma-AQ X CgaAQ มีเปอร์เซ็นต์ของค่าเฮเทอโรซิสที่เป็นบวกน้อยที่สุด คือ 50 % (3 ใน 6 ลักษณะ) (ตารางที่ 8)

Table 7 Heterosis values of traits, hatching rate (%), specific growth rate (SGR, %d⁻¹), survival rate (%), mean of heterosis and percentage of positive heterosis calculated for each interspecific cross between Thai walking catfish and African catfish reared in tanks during 4-12 week-old.

Crosses strain (female x male)	Hatching rate (%)	SGR (%d ⁻¹)	Survival rate (%)	Mean of heterosis	% positive heterosis
Cma-NS X Cga-NR	0.26	-8.28	5.65	15.47	75
Cma-UD X Cga-NR	-3.23	-9.98	3.76	11.70	50
Cma-AQ X Cga-NR	-16.98	-8.15	-0.62	4.85	25
Cma-NS X Cga-RY	0.49	2.04	3.14	15.34	100
Cma-UD X Cga-RY	-23.61	-2.84	1.61	-0.20	50
Cma-AQ X Cga-RY	-42.33	4.77	-0.07	-3.96	25
Cma-NS X Cga-AQ	15.71	-1.18	5.00	10.19	50
Cma-UD X Cga-AQ	12.32	2.12	2.00	15.03	100
Cma-AQ X Cga-AQ	-27.15	-8.64	1.45	-0.26	25

Table 8 Heterosis values of traits, SGR(%d⁻¹), specific growth rate-SGR (%d⁻¹), dress-out percentage (%), fillet yield (%), phagocytic activity (PA, %), phagocytic index (PI), survival rate (%) mean of heterosis and %positive heterosis calculated for each interspecific cross between Thai walking catfish and African catfish reared in tanks during 12 – 25 week-old.

Crosses strain (female x male)	SGR(%d ⁻¹)	Dress-out percentage (%)	Fillet yield (%)	PA (%)	PI	Survival rate (%)	Mean heterosis	% positive heterosis
Cma-NS X Cga-NR	-2.41	0.96	-0.30	-10.07	0.43	19.59	1.37	50.00
Cma-UD X Cga-NR	-4.01	1.95	2.74	-11.47	4.95	5.43	-0.07	66.67
Cma-AQ X Cga-NR	1.65	3.55	4.48	-1.89	-7.43	6.47	1.14	66.67
Cma-NS X Cga-RY	-1.33	-1.21	0.27	11.89	-5.94	9.82	2.25	50.00
Cma-UD X Cga-RY	-1.16	0.29	1.66	-5.97	-0.25	6.67	0.21	50.00
Cma-AQ X Cga-RY	9.60	-1.64	-0.08	9.17	-0.61	10.04	4.41	50.00
Cma-NS X Cga-AQ	-4.23	-0.33	-0.36	5.62	-5.42	15.13	1.74	33.33
Cma-UD X Cga-AQ	3.71	-1.09	0.59	3.07	3.25	8.99	3.09	83.33
Cma-AQ X Cga-AQ	2.11	-0.38	3.02	-1.44	-1.21	14.27	2.73	50.00

บทที่ 5 วิจัยผล สรุปและเสนอแนะ

ความแตกต่างระหว่างประชากรภายในชนิดพ่อแม่พันธุ์และความแตกต่างของลักษณะปรากฏ

ประชากรปลาดุกอุย/ปลาดุกยักษ์ที่นำมาใช้ในการศึกษานี้ มีความแตกต่างทางพันธุกรรมภายในชนิด ดังจะเห็นได้จากผลการเปรียบเทียบระหว่างประชากร อย่างไรก็ตามความแตกต่างของเครื่องหมายพันธุกรรมที่เป็น neutral markers (เครื่องหมายที่ไม่ได้เป็นส่วนหนึ่งของยีน) อาจไม่ได้สะท้อนความแตกต่างของลักษณะปรากฏ แต่เนื่องจากในปัจจุบัน ยังไม่มีการศึกษาจำแนกสายพันธุ์ปลาดุกอุย และปลาดุกยักษ์อย่างชัดเจน ซึ่งหมายความว่ายังไม่มีสายพันธุ์/ประชากรที่มีลักษณะปรากฏแตกต่างกัน ในการศึกษาจึงจำเป็นต้องนำประชากรที่อย่างน้อยก็มีความแตกต่างทางพันธุกรรมในระดับหนึ่งมาใช้

ในการศึกษานี้พบความแตกต่างของลักษณะอัตราการเจริญเติบโตจำเพาะ (SGR) ระหว่างประชากรปลาดุกอุย โดยพบว่าประชากรภาคิชาพะเลียงสัตว์น้ำ (Cma-AQ) มีค่า SGR ต่ำกว่าประชากรอื่นๆทั้งในระยะเวลาอายุ 4-12 สัปดาห์ และ 13-25 สัปดาห์ ส่วนลักษณะอื่นๆนั้นไม่แตกต่างกัน ในทำนองเดียวกัน อุทัยรัตน์ (2543) ได้รายงาน ความแตกต่างของน้ำหนักรวมปลาดุกอุยประชากรธรรมชาติ 3 ประชากร (สระบุรี ศรีสะเกษ และสงขลา) เมื่อนำมาเลี้ยงเปรียบเทียบในกระชัง สำหรับประชากรปลาดุกยักษ์ 3 ประชากรไม่มีลักษณะใดแตกต่างกันเลย ซึ่งผลที่ได้เป็นเช่นเดียวกับที่ Wachirachai et al. (2009) ได้รายงานไว้ ซึ่งอาจมีสาเหตุจากการที่ฟาร์มปลาดุกยักษ์ ต่างๆไม่ได้มีการปรับปรุงพันธุ์ปลาดุกยักษ์ ดังนั้นในระหว่างการศึกษาสายพันธุ์แม้กระบวนการทางพันธุกรรม (เช่น genetic drift) อาจมีผลให้เกิดความแตกต่างของ neutral markers แต่เนื่องจากไม่ได้มีการคัดเลือกอย่างมีทิศทาง จึงไม่ทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของลักษณะปรากฏ

การเจริญเติบโตของปลาทดลอง

ปลาทดลองมีการเจริญเติบโตค่อนข้างต่ำกว่าที่เคยมีรายงานไว้ในการศึกษาทดลองอื่นๆ เช่น สุจินต์และคณะ (2533b) รายงานน้ำหนักเฉลี่ยของปลาดุกอุยอายุ 12 สัปดาห์เท่ากับ 16.22 กรัม และปลาดุกยักษ์ 52.74 กรัม ส่วนลูกผสมมีน้ำหนักเฉลี่ย 24.53 กรัม ซึ่งมีขนาดใหญ่กว่าปลาทดลองครั้งนี้ประมาณ 4 เท่า ซึ่งอาจมีสาเหตุจากอัตราปล่อยในการทดลองครั้งนี้ค่อนข้างหนาแน่น (160 ตัว/ตารางเมตร เทียบกับ 50 ตัว/ตารางเมตรในการทดลองของสุจินต์ และคณะ, 2533b) อย่างไรก็ตามอัตราปล่อยที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ อยู่ในระดับที่เกษตรกรทั่วไปใช้ (อุทัยรัตน์, 2544) จึงไม่น่าทำให้ผลการทดลองผิดเพี้ยนไป

ผลของสายพันธุ์ต่อลักษณะทางเศรษฐกิจของลูกผสม

การศึกษานี้ พบอิทธิพลของสายพันธุ์ต่อลักษณะของลูกผสมอย่างมีนัยสำคัญ โดยสายพันธุ์พ่อ (ปลาดุกยักษ์) มีอิทธิพลต่ออัตราฟัก อย่างไรก็ตามผลของสายพันธุ์พ่อดังกล่าวอาจเกี่ยวข้องหรือไม่

เกี่ยวข้องกับพันธุกรรมก็ได้ ทั้งนี้ ยังไม่เคยมีการรายงานความสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมของพ่อแม่กับอัตราพักมาก่อน เหตุผลอื่นๆที่เป็นไปได้คือ ความสมบูรณ์ของน้ำเชื้อ อาจเป็นไปได้ที่ปลาสายพันธุ์ Cga-AQ ซึ่งให้อัตราพักเฉลี่ยสูงกว่าสายพันธุ์อื่น จะมีความได้เปรียบเนื่องจากเป็นปลาที่เลี้ยงอยู่ในภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำมาหลายชั่วอายุ จึงปรับตัวได้ดีกว่า ความสมบูรณ์ของน้ำเชื้อจึงดีกว่าปลาอีก 2 สายพันธุ์

สายพันธุ์แม่ สายพันธุ์พ่อ และปฏิสัมพันธ์ระหว่างสายพันธุ์มีอิทธิพลต่อ SGR ในระยะ 4-12 สัปดาห์ แต่ไม่มีอิทธิพลต่อ SGR ระหว่างอายุ 12-25 สัปดาห์ โดย Cma-NS และ Cma-UD ให้ลูกผสมที่เจริญเติบโตดีกว่า Cma-AQ ในทำนองเดียวกัน Cga-AQ ให้ลูกผสมที่เจริญเติบโตดีกว่า Cga-NR ผลการทดลองนี้แสดงว่า เมื่อนำปลาดุกอุย/ดุกยักษ์สายพันธุ์ดังกล่าวไปผสมกับสายพันธุ์ใดๆ ก็มีแนวโน้มจะทำให้อัตราการเจริญเติบโตของลูกผสมในระยะ 4-12 สัปดาห์ดีขึ้น แต่ค่าเฉลี่ยของลูกผสมแต่ละคู่จะเป็นอย่างไรก็จะขึ้นกับปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมของพ่อแม่คู่นั้นๆ (specific combining ability) ด้วย (Falconer and Mackay, 1996)

อัตราการเจริญเติบโตเฉพาะของปลาดุกอุยปลาดุกยักษ์และลูกผสมไม่แตกต่างกันชัดเจนในระยะแรก (4-12 สัปดาห์) แต่ระหว่าง 12-25 สัปดาห์ SGR แตกต่างกันตามชนิด/กลุ่มค่อนข้างชัดเจน โดยปลาดุกยักษ์มี SGR สูงสุด รองลงมาได้แก่ปลาดุกลูกผสม และปลาดุกอุยมี SGR ต่ำที่สุด อาจจะเป็นไปได้ว่าในระยะแรกนั้นเลี้ยงปลาทดลองในอัตราปล่อยที่สูงมาก และอัตราปล่อยสูงนี้อาจมีผลแตกต่างกันในปลาดุกอุย ดุกยักษ์ และลูกผสม ทำให้ปลาดุกอุย และลูกผสมมี SGR ดีพอๆกับปลาดุกยักษ์ (ทั้งๆที่โดยปกติแล้วควรมี SGR ต่ำกว่าปลาดุกยักษ์) ปรากฏการณ์ density-based genotype-environment interaction นี้พบในลูกผสม channel catfish x blue catfish เช่นเดียวกัน โดยพบว่าที่ความหนาแน่นต่ำ channel catfish จะโตเร็วกว่าลูกผสม channel (female) x blue catfish (male) แต่ที่ความหนาแน่นสูงลูกผสมจะโตดีกว่า channel catfish (Dunham *et al.*, 1990)

สายพันธุ์ไม่มีผลต่อ เปอร์เซ็นต์ dress-out และ เปอร์เซ็นต์ fillet yield อัตราอดระหว่าง 12-25 สัปดาห์ เช่นเดียวกัน สายพันธุ์ไม่มีผลต่อระบบภูมิคุ้มกัน (Phagocytic activity และ Phagocytic index)

ในการศึกษาส่วนใหญ่ไม่พบความแตกต่างของ เปอร์เซ็นต์ dress-out และ เปอร์เซ็นต์ fillet yield ของลูกผสมแต่ละคู่ผสม เช่น ลูกผสมระหว่าง channel catfish สายพันธุ์ Kansas กับ blue catfish สายพันธุ์ RioGrande และ ลูกผสมระหว่าง channel catfish สายพันธุ์ Marion กับ blue catfish สายพันธุ์ RioGrande (Argue and Dunham, 2003) และลูกผสมระหว่างแม่ HS-5 channel catfish x พ่อ D&B Blue catfish และลูกผสมระหว่างแม่ NWAC103³ channel catfish x พ่อ D&B Blue catfish มี %dress-out (Jiang, 2008) ซึ่งสอดคล้องกับผลการศึกษาในครั้งนี้ และยังมีรายงานว่าระหว่างสายพันธุ์ต่างๆ ของ channel catfish มีเปอร์เซ็นต์ซากที่ไม่แตกต่างกันอีกด้วย (Argue and Dunham, 2003) อย่างไรก็ตามพบว่าในการผสมบางคู่ อาจให้ลูกผสมที่มี เปอร์เซ็นต์ dress-out และ เปอร์เซ็นต์ fillet yield ดีกว่าสายพันธุ์พ่อแม่ (เช่น ลูกผสม ระหว่างแม่ Norris line channel catfish และพ่อ Dycus Farm line blue catfish

มีเปอร์เซ็นต์ซากที่สูงกว่า channel catfish สายพันธุ์ NWAC 103 และสายพันธุ์ Norris, Bosworth *et al.*, 2004)

อัตราการรอดของลูกผสมนับว่าเป็นลักษณะหนึ่งที่สำคัญยิ่งทางเศรษฐกิจ ในการทดลองนี้พบว่าอัตราการรอดของลูกผสมทุกคู่ผสมที่อายุ 12 สัปดาห์ และ 25 สัปดาห์ ไม่แตกต่างกัน และไม่แตกต่างจากชนิดพ่อแม่ ซึ่งน่าจะมีสาเหตุจากการที่ปลาอุกอุยและปลาดุกยักษ์มีพันธุกรรมคล้ายคลึงกันมาก ดังจะเห็นได้จากการที่ลูกผสมไม่เป็นหมัน สามารถผสมกลับได้ (สุจินต์ และคณะ, 2533a)

เฮตเทอโรซิส

เป็นที่ทราบกันดีว่าการผสมข้ามระหว่างสายพันธุ์ หรือการผสมข้ามระหว่างชนิดทำให้เกิดปรากฏการณ์ ที่เรียกว่าเฮตเทอโรซิส หรือไฮบริด วิเกอร์ (hybrid vigour) (Falconer and Mackay, 1996) โดยเฮตเทอโรซิสอาจมีค่าบวกหรือลบก็ได้ ถ้าค่าเป็นบวกแสดงว่าลูกผสมมีลักษณะนั้นๆ สูงกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ ในทางตรงข้ามถ้าค่าเป็นลบแสดงว่าลูกผสมมีลักษณะด้อยกว่าพ่อแม่ ที่ผ่านมามีการศึกษาค่าเฮตเทอโรซิสในปลาดุกลูกผสม และพบว่าค่าเฮตเทอโรซิสมีค่าเป็นลบในลักษณะของน้ำหนัก และความยาว (สุจินต์ และคณะ, 2533 b) ซึ่งต่างจากการศึกษาในครั้งนี้ที่พบว่าลูกผสมบางคู่ผสมมีค่าเฮตเทอโรซิสของค่า SGR เป็นบวกทั้งที่อายุ 12 สัปดาห์ และ 25 สัปดาห์ เช่น ลูกผสม Cma-AQ X Cga-RY และ Cma-UD X Cga-AQ ความแตกต่างนี้ อาจเป็นผลมาจากการใช้สายพันธุ์พ่อแม่ต่างกัน เหตุผลที่ทำให้ลูกผสมมีลักษณะดีกว่าค่าเฉลี่ยของพ่อแม่ อาจเนื่องจากปฏิสัมพันธ์ระหว่าง genotype ของพ่อแม่ ซึ่งเป็นอิทธิพลของ dominant genetic variance ซึ่งจะเป็นคุณสมบัติเฉพาะสำหรับคู่ผสมใดๆ ไม่สามารถถ่ายทอดไปสู่ลูกรุ่นต่อไปได้ นอกจากนั้นเฮตเทอโรซิสอาจเกิดจากการเพิ่มสัดส่วนของยีนในสภาพเฮตเทอโรไซกัสในลูกผสม (Falconer and McKay, 1996)

ลูกผสมหลายคู่มีค่าเฮตเทอโรซิสเป็นลบ ซึ่งอาจเกิดจากการกระจายตัวของกลุ่มยีนที่ปรับตัวได้ดีแล้ว กล่าวคือยีนของปลาแต่ละสายพันธุ์หรือชนิด จะค่อยๆเปลี่ยนแปลงไปในทิศทางที่ทำให้ปลาสามารถปรับตัวให้เหมาะสมกับสภาพแวดล้อมที่มันอาศัยอยู่ จนเกิดเป็น linkage group ของยีน เมื่อมีการผสมข้าม กลุ่มยีนนี้จะกระจายตัว (segregate) ปลาลูกผสมจึงสูญเสียข้อได้เปรียบนี้ไป อาจเรียกปรากฏการณ์นี้ว่า outbreeding depression (Allendorf and Lusk, 2007)

อย่างไรก็ตามค่าเฮตเทอโรซิสของลักษณะอัตราการเจริญเติบโต ในการศึกษาครั้งนี้ค่อนข้างต่ำเมื่อเทียบกับการผสมข้ามระหว่างปลากลุ่ม catfish ด้วยกัน เช่น channel x blue catfish (12.2%, Dunham *et al.*, 2008)

สรุปและเสนอแนะ

1. ปลาตุ๊กยักษ์ และปลาตุ๊กอุยที่นำมาศึกษา มีความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร
2. สายพันธุ์พ่อและแม่มีผลต่อการแสดงออกของลักษณะการเจริญเติบโตจำเพาะของลูกผสมใน ระยะ 4-12 สัปดาห์ แต่ไม่มีผลต่อลักษณะอื่นๆ
3. ลูกผสมที่เกิดจากคู่ผสมระหว่าง Cma-UD X Cga-AQ มีค่า SGR สูงที่สุด ทั้ง 12 และ 25 สัปดาห์ ในขณะที่ลักษณะอื่นๆไม่แตกต่างจากคู่ผสมอื่นๆ นอกจากนั้นยังมีค่าเฮตเทอโรซิส ของลักษณะ SGR สูงกว่าคู่ผสมอื่นๆ และมีสัดส่วนลักษณะที่มีค่าเฮตเทอโรซิสเป็นบวกสูง ที่สุดทั้ง 2 ระยะการทดลอง จึงควรแนะนำให้เกษตรกรนำไปใช้

เอกสารอ้างอิง

- มานพ ตั้งตรงไพโรจน์, สุจินต์ หนูขวัญ, ปกรณ์ ชุ่มประเสริฐ และ กำชัย ลาวัณยวุฒิ. 2533. ปีกุยปลาเศรษฐกิจชนิดใหม่. สถาบันวิจัยประมงน้ำจืด, กรมประมง.
- ศูนย์สารสนเทศกรมประมง. 2556. สถิติการประมงปี 2553. <http://www.fisheries.go.th/it-stat/yearbook/>
- สุจินต์ หนูขวัญ, กำชัย ลาวัณยวุฒิ, มานพ ตั้งตรงไพโรจน์และปรีชชัย วีรสิทธิ์. 2533a. การเพาะพันธุ์ปลาดุกผสมกับปลาดุกอุยและปลาดุกเทศ, น. 529-544. ใน รายงานการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 28. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- สุจินต์ หนูขวัญ, มานพ ตั้งตรงไพโรจน์, กำชัย ลาวัณยวุฒิและปรีชชัย วีรสิทธิ์. 2533b. การผสมข้ามพันธุ์ระหว่างปลาดุกอุยและปลาดุกเทศ. น. 553-567. ใน รายงานการประชุมทางวิชาการของมหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ ครั้งที่ 28. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- ศรีจรรยา สุขมโนมนต์. 2546. การพัฒนาไมโครแซทเทลไลท์ไพโรเมอร์สำหรับปลาดุกอุยและการประยุกต์เพื่อการศึกษาพันธุศาสตร์ประชากร. วิทยานิพนธ์ ปริญญาโท. มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. กรุงเทพฯ.
- อุทัยรัตน์ ณ นคร. 2543. พันธุศาสตร์สัตว์น้ำ. ภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. กรุงเทพฯ.
- อุทัยรัตน์ ณ นคร. 2544. ปลาดุก. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์, กรุงเทพฯ.
- Alfred, O.M., Gjerne, B. 2006. Estimates of the strain additive, maternal and heterosis genetic effects for harvest body weight of an F2 generation of *Oreochromis shiranus*. Aquaculture 259: 38-46.
- Allendorf, F.W., Luikart, G. 2007. Conservation and the Genetics of Populations. Blackwell Publishing, MA, USA.
- Argue, B.J., Liu, Z., Dunham, R.A. 2003. Dress-out and fillet yields of channel catfish (*Ictalurus punctatus*, blue catfish (*Ictalurus furcatus*) and their F1,F2 and backcross hybrids. Aquaculture 228: 81-90.
- Ataguba, G.A., Annune, P.A., Ogbe, F.G. 2010. Growth performance of two African catfishes *Clarias gariepinus* and *Heterobranchus longifilis* and their hybrids in plastic aquaria. Livestock Res. Rural Dev. 22(2): 1-7.
- Bartley, D.M., Rana, K., Immink, A.J. 2000. The use of inter-specific hybrids in aquaculture and fisheries. Rev. Fish Biol. Fish. 10: 325-337.
- Bosworth, B.G., Wolters, W.R., Silva, F.L., Chamul, R.S., Park, S. 2004. Comparison of production, meat yield, and meat quality traits of NWAC 103 line channel catfish, Norris

- line channel catfish, and female channel catfish x male blue catfish F1 hybrids. North American J. Aqua. 66: 177-183.
- Bosworth, B.G., Wise, D.J., Terhune, J.S., Wolters, W.R. 2003. Family and genetic group effects for resistance to proliferative gill disease in channel catfish, blue catfish, and channel catfish × blue channel backcross hybrids. Aquacult. Res. 34: 569-573.
- Bryden, C.A., Heathand, J.W., Heath, D.D. 2004. Performance and heterosis in farmed and wild chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) hybrid and purebred crosses. Aquaculture 235: 249-261.
- Carlos, L., Gjerde, B., Bentsen, H.B. Dionisio, E.E., Rye, M. 2011. Estimates of strain additive genetic, heterosis and reciprocal effects for male proportion in Nile tilapia, *Oreochromis niloticus* L. Aquaculture 312: 32-42.
- Ding, J., Chang, Y., Wang, C., Cao, X. 2007. Evaluation of the growth and heterosis of hybrids among three commercially important sea urchins in China: *Strongylocentrotus nudus*, *S. intermedius* and *Anthocardaris crassispina*. Aquaculture 277: 273-280.
- Dunham, R. A., Brummett, R.E., Ella, M.O., Smitherman, R.O. 1990. Genotype-environment interactions for growth of blue, channel and hybrid catfish in ponds and cages at varying densities. Aquaculture 85: 143-151.
- Dunham, R.A., Ramboux, A.C.R., Perera, D..A. 2014. Effect of strain on the growth, survival and sexual dimorphism of channel x blue catfish hybrids grown in earthen ponds. Aquaculture 420-421: S20-S24.
- Dunham, R.A., Smitherman, R.O., Goodman, R.K. 1987. Comparison of mass selection, crossbreeding, and hybridization for improving growth of channel catfish. Prog. Fish Cult. 49: 293-296.
- Dunham, R.A., Umali, G.M., Beam, R., Kristanto, A.H., Trask, M. 2008. Comparison of production traits of NWAC103 channel catfish, NWAC103 channel catfish x blue catfish hybrid, Kansas select 21 channel catfish, and blue catfish grown at commercial densities and exposed to natural bacterial epizootics. North American J. Aqua. 70: 98-106.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Longman, Essex, UK.
- FAO. 2010. Fishstat Plus Version 2.30. <http://www.fao.org/fi/statist/FISOFT/FISHPLUS.asp>

- Galbusera, P., Volckaert, F.A., Hellemans, B., Ollevier, F. 1996. Isolation and characterization of microsatellite markers in the African catfish *Clarias gariepinus* (Burchell, 1822). *Mol. Ecol.* 5: 703-705.
- Garcia-Franco, M. 1993. Intra-and interspecific relationships of the Clariidae catfish *Clarias batrachus*. Ph.D. Thesis, Tokyo University of Fisheries.
- Goudet, J. 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3) 2003 Available at <http://www2.unil.ch/izea/software>.
- Green, B.W., Rowles, S.D. 2010. Comparative growth and yield of channel catfish and channel x Blue hybrid catfish fed a full or restricted ration. *Aquacult. Res.* 41: 109-119.
- Hedgecock, D., McGoldrick, D.J., Manahan, D.T., Vavra, J., Appelmans, N., Bayne, B.L. 1996. Quantitative and molecular genetic analyses of heterosis in bivalve mollusks. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.* 203: 49-59.
- Hedrick, P.W. 1985. *Genetics of Populations*. Jones and Bartlett Publ. Inc., Boston.
- Jiang, M., Daniels, W.H., Pine, H.J., Chappell, J.A. 2008. Production and processing trait comparisons of channel catfish, blue catfish, and their hybrids grown in earthen ponds. *J. World Aqua. Soc.* 39: 736-745.
- King, R.C., Stansfield, W.D. 1990. *A Dictionary of Genetics*. 4th ed. Oxford University, Inc., New York.
- Lal, K.K., Singh, R.K., Mohindra, V., Singh, B., Ponniah, A.G. 2003. Genetic make-up of exotic catfish *Clarias gariepinus* in India. *Asian Fish. Sci.* 16: 229-234.
- Legendre, M., Teugels, G.G., Cauty, C., Jalabert, B. 1992. A comparative study on morphology, growth rate and reproduction of *Clarias gariepinus* (Burchell, 1822), *Heterobranchus longifilis* Valenciennes, 1840, and their reciprocal hybrid (Pisces, Clariidae). *J. Fish Biol.* 40: 59-79.
- Li, Y., Hellemans, B., Pouyaud, L., Volckaert, F.A.M. 2000. Origin and genetic diversity of aquaculture catfish (*Clarias gariepinus*) in SE Asia. A poster presented at "the Catfish Asia Workshop" 9-20 June, 2000, Bogor.
- Na-Nakorn, U., Hara, M., Taniguchi, N., Seki, S. 1998. Isozymes variation of *Clarias macrocephalus* from four locations in Thailand. *Fish. Sci.* 64: 526-530.

- Na-Nakorn, U., Taniguchi, N., Nugroho, E., Seki, S., Kamonrat, W. 1999. Isolation and characterization of microsatellite loci of *Clarias macrocephalus* and their application to genetic diversity study. *Fish. Sci.* 65: 520-526.
- Na-Nakorn, U., Kamonrat, W., Ngamsiri, T. 2004. Genetic diversity of walking catfish, *Clarias macrocephalus*, in Thailand and evidence of genetic introgression from introduced farmed *C. gariepinus*. *Aquaculture* 240: 145-163.
- Neto, R.V.R., Serafini, M.A., Fonseca de Freitas, R.T., Allaman, I.B., Mourad, N.M.N., Lago, A. 2012. Performance and carcass traits in the diallel crossing of pacu and tambaqui. *Revista Brasileira de Zootecnia* 41 (12): 2390-2395.
- Paspatis, M., Markakis, G., Koumoundouros G., Kintouri, M. 1999. Preliminary results on rearing of *Sparus aurata* X *Pagrus pagrus* hybrids, Performance comparison with the parental species. *Aquacult. Int.* 7: 295-306.
- Puangkaew, J., Kiron, V., Somamoto, T., Okamoto, N., Satoh, S., Takeuchi, T., Watanabe, T. 2004. Non specific immune response of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum) in relation to different status of vitamin E and highly unsaturated fatty acids. *Fish Shellfish Immunol.* 16: 25-39.
- Rahman, M.A., Uehara, T., Lawrence, J.M. 2005. Growth and heterosis of hybrids of two closely related species of Pacific sea urchins (Genus *Echinometra*) in Okinawa. *Aquaculture* 245: 121-133.
- Raymond, M., Rousset, F. 1995. Genepop (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *J. Hered.* 86: 248 –249.
- Ridha, M.T. 2012. Preliminary observations on growth and survival of *Oreochromis spilurus* x GIFT *Oreochromis niloticus* F1reciprocal hybrids in fresh and seawater. *Aquaculture Research*, 2012, 1–9 doi:10.1111/j.1365-2109.2012.03256.x
- Sakai, C., Konno, F., Nakano, O., Iwai, T., Yokota, T., Lee, J., Nishida-Umehara, C., Kuroiwa, A., Matsuda, Y., Yamashita. M. 2007. Chromosome elimination in the interspecific hybrid medaka between *Oryzias latipes* and *O. hubbsi*. *Chromosome Res.* 15: 697-709.
- Scribner, K.T., Page, K.S., Bartron, M.L. 2001. Hybridization in freshwater fishes: are view of case studies and cytonuclear methods of biological inference. *Rev. Fish Biol. Fish.* 10: 293-323.

- Seiler, S.M., Keeley E. R. 2007. A comparison of aggressive and foraging behaviour between juvenile cutthroat trout, rainbow trout and F1 hybrids. *Anim. Behav.* 74: 1805-1812.
- Taggart, J.B., Hynes, R.A., Prodöhl, P.A., Ferguson, A. 1992. A simplified protocol for routine total DNA isolation from salmonid fishes. *J. Fish Biol.* 40: 963-965.
- Wachirachaikarn, A., Rungsin, W., Srisapoome, P., Na-Nakorn, U. 2009. Crossing of African catfish, *Clarias gariepinus* (Burchell, 1822), strains based on strain selection using genetic diversity data. *Aquaculture* 290: 53-60.
- Wright, S. 1977. Experimental Results and Evolutionary Deductions. pp.1-5, *In* Evolution and the Genetic of Populations. The University of Chicago Press, Ltd., London.
- Yi, T., Jie, K., Cuihua, Y. 2006. Comparative growth and viability of hybrids between two populations of Chinese shrimp (*Fennropenaeus chinensis*). *Chin Sci Bull* 51: 2369-2374.
- Zou, S., Li, S., Cai, W., Yang, H.j Jiang, X. 2007. Ploidy polymorphism and morphological variation among reciprocal hybrids by *Megalobrama amblycephala* X *Tinca tinca*. *Aquaculture* 270: 574-579.

ภาคผนวก

สำเนารายงานการวิจัย

Koolboon, U. Koonawootrittriron, S., Kamolrat, W., Na-Nakorn, U. 2014. Effects of parental strains and heterosis of the hybrid between *Clarias macrocephalus* and *Clarias gariepinus*. Aquaculture 424–425, 131–139.