

ชื่อวิทยานิพนธ์	การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมและการค้นหาเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่เกี่ยวข้องกับลักษณะการเจริญเติบโตของกุ้งกุลาดำ ( <i>Penaeus monodon</i> Fabricius)
ผู้เขียน	โอปอล์ สิวะสุธรรม
สาขาวิชา	วิทยาศาสตร์การเกษตร
ปีการศึกษา	2554

---

## บทคัดย่อ

กุ้งกุลาดำเป็นสัตว์น้ำที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของประเทศไทย ในปัจจุบันประสบปัญหาการเพาะเลี้ยงเนื่องจากขาดพ่อแม่พันธุ์ที่มีคุณภาพ ดังนั้นจึงมีการพัฒนาสายพันธุ์กุลาดำโดยใช้ความรู้ด้านอนุชีววิทยาและพันธุศาสตร์เพื่อให้ได้สายพันธุ์กุลาดำที่ดีตามต้องการ การศึกษาครั้งนี้ใช้ลักษณะการเจริญเติบโตเป็นเป้าหมายหลักในการ วิเคราะห์ โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อ 1) ประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ได้แก่ ค่าอัตราพันธุกรรม ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม และสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏของลักษณะการเจริญเติบโตในรูปของความยาวรวม (total length, TL) และน้ำหนักตัว (body weight, BW) ในประชากรกุ้งกุลาดำที่เลี้ยงในระบบปิด จำนวน 12 ครอบครัว ที่อายุ 3 4 5 และ 6 เดือน ด้วยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) โดยใช้โมเดลตัวสัตว์แบบผสม (animal mixed model) และข้อมูลพันธุ์ประวัติจากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของตัวสัตว์ (genetic relationship) ด้วยวิธี Molecular relatedness และวิเคราะห์ค่าการผสมพันธุ์ (Estimated Breeding Value, EBV) ด้วยวิธี Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) และ 2) วิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างรูปแบบของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์กับลักษณะการเจริญเติบโต ด้วยวิธี Logistic Regression Analysis ซึ่งจากการเปรียบเทียบ ผลการวิเคราะห์ค่าองค์ประกอบ ความแปรปรวนทางพันธุกรรม โดยใช้ค่าความสัมพันธ์ของตัวสัตว์ ด้วยวิธี Molecular relatedness จำนวน 3 ชุดการคำนวณ ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 40 และ 69 ตำแหน่ง และความสัมพันธ์ของตัวสัตว์ที่มีค่าเป็นศูนย์ พบว่า ค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของตัวสัตว์ จากวิธี Molecular relatedness ทั้ง 3 ชุดการคำนวณ มีความสัมพันธ์อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $P < 0.01$ ) และมีความแม่นยำในการประเมินพันธุกรรมตัวสัตว์มากกว่า ชุดการคำนวณที่ใช้ค่า

ความสัมพันธ์ของตัวสัตว์เป็นศูนย์ (LS mean ของค่า ACC เท่ากับ 0.910) และเมื่อใช้ค่าความสัมพันธ์ของตัวสัตว์จากวิธี Molecular relatedness โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ 15 ตำแหน่ง วิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม พบว่า อัตราพันธุกรรมของความยาวรวม ที่อายุ 3 4 และ 5 เดือน มีค่า  $0.496 \pm 0.112$   $0.147 \pm 0.057$  และ  $0.165 \pm 0.062$  ตามลำดับ และอัตราพันธุกรรมของความยาวรวมและน้ำหนักตัว ที่อายุ 6 เดือน มีค่า  $0.310 \pm 0.096$  และ  $0.290 \pm 0.093$  ตามลำดับ ในขณะที่สหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏและสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม มีค่า  $0.914 \pm 0.012$  และ  $0.970 \pm 0.019$  ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบว่ากึ่งกลางดำ ที่อายุ 6 เดือน มีค่าการผสมพันธุ์ของความยาวรวมอยู่ในช่วง -  $1.246 \pm 0.313$  ถึง  $1.376 \pm 0.311$  และค่าการผสมพันธุ์ของน้ำหนักตัวอยู่ในช่วง -  $3.271 \pm 1.086$  ถึง  $5.213 \pm 1.092$  และจากการศึกษาความสัมพันธ์ของรูปแบบของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 45 อัลลีล จาก 35 ตำแหน่ง ซึ่งมีความถี่ของอัลลีลมากกว่า 0.3 กับลักษณะการเจริญเติบโตในกึ่งกลุ่มโตดี (ครอบครัวกึ่งที่มีค่าการผสมพันธุ์ของน้ำหนักตัวเป็นบวก ) ด้วยวิธี Logistic Regression Analysis พบ 7 อัลลีล จากเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ 5 ตำแหน่ง คือ DPm103 (อัลลีลที่ 4 และ 5) DPm142 (อัลลีลที่ 3 และ 6) DPm206 (อัลลีลที่ 3) DPm313 (อัลลีลที่ 1) และ PmMS2 (อัลลีลที่ 4) มีความสัมพันธ์อย่างมีนัยสำคัญทาง สถิติ ( $P < 0.05$ ) กับกึ่งกลุ่มโตดี และมีค่า Predicted correct อยู่ระหว่าง 75.0-91.7 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งตำแหน่งที่มีค่าความแม่นยำสูงที่สุด คือ DPm142 และ DPm103 โดยมีค่า Predicted correct ถึง 91.7 เปอร์เซ็นต์ ในขณะที่ตำแหน่งที่มีค่าความแม่นยำต่ำสุดคือ PmMS2 โดยมีค่า Predicted correct เท่ากับ 75.0 เปอร์เซ็นต์ ผลที่ได้จากการศึกษาค้นคว้านี้สามารถนำไปประยุกต์ใช้ในการคัดเลือกกึ่งกลางดำที่มีค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการเจริญเติบโตดีได้ต่อไปในอนาคต

Thesis Title	Estimation of Genetic Parameters and Identification of Microsatellite Markers Related to Growth Traits in the Black Tiger Shrimp ( <i>Penaeus monodon</i> Fabricius)
Author	Opor Siwasutham
Major Program	Agricultural Science
Academic year	2011

---

### Abstract

The black tiger shrimp (*Penaeus monodon*) is one of the economically important shrimp species in Thailand. However, the numbers of culture farm and production have been decreased during the past decade causing from the lack of high quality broodstocks. Molecular biology and genetics seem to be a promising method to overcome the problems. This study utilized growth trait as a model for analysis was aimed to 1) estimate the genetic parameters for including heritability ( $h^2$ ), genetic correlation and phenotypic correlation for growth trait in terms of total length (TL) and body weight (BW) in 12 families of *P. monodon* aged at 3, 4, 5 and 6 months rearing in the closed system by Restricted Maximum Likelihood (REML) using animal mixed model and Molecular relatedness as pedigree information, and 2) identify the microsatellite markers related to growth by Logistic Regression Analysis. In the estimation of variance components, molecular relatedness as pedigree information generated from 15, 40 and 69 microsatellite loci and non-pedigree data were compared. The results showed that estimates from molecular relatedness gave the same values of variance components and exhibited higher accuracy of breeding values than non-pedigree data (LS mean of ACC = 0.910). Genetic parameters were then estimated using Molecular relatedness generated from 15 microsatellite loci. The results showed that heritabilities for total length were  $0.496 \pm 0.112$ ,  $0.147 \pm 0.057$  and  $0.165 \pm 0.062$  for shrimp at 3, 4, and 5 months age, respectively, while at 6 months age, the heritabilities for total length and body

weight were  $0.310 \pm 0.096$  and  $0.290 \pm 0.093$ , respectively. Furthermore, the phenotypic and genetic correlations estimated between total length and body weight were  $0.914 \pm 0.012$  and  $0.970 \pm 0.019$ , respectively. The estimated breeding values (EBV) for shrimp at 6 months were also investigated. It was found that the EBV for total length ranged from  $-1.246 \pm 0.313$  to  $1.376 \pm 0.311$  while the EBV for body weight ranged from  $-3.271 \pm 1.086$  to  $5.213 \pm 1.092$ . In addition, microsatellite markers associated with high growth (EBV>0) *Penaeus monodon* families were analyzed by Logistic Regression Analysis. From the 45 alleles (allele frequency>0.3) generated from 35 microsatellite loci, a total of 7 microsatellite alleles from 5 microsatellite loci were found significantly associated with high growth ( $P < 0.05$ ) including DPm103 (A4 and A5), DPm142 (A3 and A6), DPm206 (A3), DPm313 (A1) and PmMS2 (A4) with the corrected prediction ranging from 75.0-91.7 percents. It was concluded that the genetic parameters and microsatellite markers obtained from this study are potentially used in the selective breeding program and marker-assisted selection for high growth trait in the black tiger shrimp.