บทที่ 5

วิจารณ์ผลการวิจัย

5.1 การเจริญเติบโตของกุ้งกุลาดำ

จากการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้นของการเจริญเติบโต ที่อายุ 3-5 เดือน พบว่า กุ้งกุลาดำมีความยาวรวมเฉลี่ย เท่ากับ 5.43±1.27 7.93±1.22 และ 9.75±1.28 เซนติเมตร ตามลำดับ (ตารางที่ 4.1) และที่อายุ 6 เดือน กุ้งกุลาดำมีการเจริญเติบโตเฉลี่ยในรูปความยาวรวมและน้ำหนักตัว เท่ากับ 10.90±1.36 เซนติเมตร และ 13.14±4.83 กรัม ตามลำดับ (ตารางที่ 4.2) ซึ่งมีค่าต่ำเมื่อเปรียบเทียบกับรายงานของ คณิตและคณะ (2541) ที่เลี้ยงกุ้งกุลาดำในบ่อดิน อัตราความหนาแน่น 25 ตัวต่อตารางเมตร ที่ขนาดเริ่มต้น 1.31 เซนติเมตร น้ำหนักเฉลี่ย เท่ากับ 0.008 กรัม ใช้ระยะเวลาในการเลี้ยง 197 วัน มีความยาวเฉลี่ย เท่ากับ 2.77 6.23 10.35 11.05 11.35 และ 11.72 เซนติเมตร และน้ำหนัก เท่ากับ 0.258 2.099 8.350 11.082 12.882 และ 14.508 กรัม ที่ระยะเวลาการเลี้ยง 24 57 93 135 176 และ 197 วัน ตามลำดับ เนื่องจากสภาพการเลี้ยงมีความแตกต่างกันโดยการเลี้ยงในบ่อดินทำให้กุ้งเติบโตดีเนื่องจากมีอาหารจากธรรมชาติจำพวกสัตว์หน้าดินที่อาจเป็นอาหารเสริมสำหรับกุ้งช่วยในการเติบโตของกุ้งในบ่อดิน นอกจากนี้ความหนาแน่นในการเลี้ยงยังมีผลต่อการเติบโตด้วย ดังรายงานของ นิเวศน์และคณะ (2534) ที่เลี้ยงกุ้งกุลาดำในบ่อซีเมนต์ขนาด 300 ตารางเมตร เริ่มเลี้ยงที่ระยะโพสลาวา 27 ในอัตราความหนาแน่น 75 ตัวต่อตารางเมตร มีอัตราการเติบโตของน้ำหนักเฉลี่ย 27.40 กรัม ที่ระยะเวลาการเลี้ยง 110-112 วัน จะเห็นว่าค่าเฉลี่ยและส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของลักษณะการเจริญเติบโตจากรายงานต่างๆ มีค่าแตกต่างกัน ทั้งนี้เนื่องจากการศึกษาในแต่ละงานวิจัยศึกษาลักษณะและขนาดของประชากรที่แตกต่างกัน อีกทั้งการจัดการและสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันก็มีผลทำให้ค่าเฉลี่ยที่ได้มีความแตกต่างกันด้วย

5.2 การประเมินพันธุกรรมสัตว์

Best Linear Unbias Prediction (BLUP) (Henderson, 1984) เป็นเทคนิคในการประมาณค่าของอิทธิพลสุ่มภายในตัวแบบผสม หลังจากที่ Henderson ค้นพบสมการตัวแบบผสมอย่างง่ายที่เรียกว่า Henderson's mixed model ทำให้การประเมินพันธุกรรมข องสัตว์ด้วยเทคนิค BLUP ถูกใช้อย่างแพร่หลาย เนื่องจากเป็นการประเมินค่าการผสมพันธุ์สัตว์ที่ใช้แหล่งข้อมูลทั้งหมดที่หาได้ ทั้งจากบันทึกตัวเอง บันทึกลูก บันทึกพันธุ์ประวัติและบันทึกพี่น้อง และมีการปรับด้วยความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ระหว่างตัวสัตว์ที่ประเมินทั้งหมด ทำให้มีความแม่นยำสูง นอกจากนี้ค่าประมาณที่ได้ยังเป็นตัวประมาณค่าที่ดีที่สุดของคุณค่าการผสมพันธุ์ (best predictor) และไม่มีความเอนเอียง (unbiaseness) ในทางสถิติ

ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) เป็นส่วนสำคัญในการปร ะเมินค่าการผสมพันธุ์ (breeding value) ของสัตว์ที่ต้องการประเมินพันธุกรรมด้วยเทคนิค BLUP ดังนั้นจำเป็นต้องทราบพันธุ์ประวัติของสัตว์ที่ถูกต้อง เพื่อให้การประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมถูกต้องและแม่นยำ และส่งผลให้การปรับปรุงพันธุ์มีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น (Visscher et al., 2002 และ Weller et al., 2004) การคัดเลือกสัตว์ถ้าใช้ข้อมูลไม่ถูกต้องจะทำให้ความก้าวหน้าทางพันธุกรรมของลักษณะที่ต้องการคัดเลือกลดลง (Banos et al., 2001 และ Long, 1990) ซึ่งข้อผิดพลาดนี้ก่อให้เกิดอคติในการประมาณค่าพารามิเตอร์ โดยอคติที่เกิดขึ้นจ ะผันแปรโดยตรงกับจำนวนข้อมูลที่ไม่ถูกต้อง (Israel and Weller, 2000 และ Banos et al., 2001) การศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมในการวิเคราะห์พันธุ์ประวัติ (pedigree analysis) เป็นการหาความสัมพันธ์ทางเครือญาติ ซึ่งเป็นการวิเคราะห์ความน่าจะเป็นที่ยีนตัวหนึ่งของบุ คคลหนึ่งจะเหมือนกัน โดยการถ่ายทอดกับยีนอีกตัวหนึ่งในตำแหน่งเดียวกันของอีกบุคคลหนึ่ง วัดออกมาเป็นค่าสัมประสิทธิ์ทางเครือญาติ เรียกว่า Coefficient of Parentage หรือ Coefficient of Coancestry (สมชัย, 2525)

การตรวจสอบความสัมพันธ์ของสัตว์โดยใช้ข้อมูลพื้นฐานทาง ด้านอณูพันธุศาสตร์ของสัตว์ชนิดนั้นๆ โดยตรงจะให้ผลความสัมพันธ์ทางครอบครัวชัดเจนขึ้น และช่วยเพิ่มความถูกต้องของพันธุ์ประวัติ งานวิจัยที่ศึกษาเกี่ยวกับการระบุความสัมพันธ์ของตัวสัตว์ในสัตว์น้ำยังมีข้อมูลน้อยมากเมื่อเปรียบเทียบกับสัตว์บกชนิดต่างๆ เช่น โค ม้า แพ ะ และสุนัข เป็นต้น ส่วนมากจะใช้

เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่มีรูปแบบเป็นไดนิวคลีโอไทด์ โดยแต่ละงานวิจัยจะใช้จำนวนเครื่องหมายดีเอ็นไมโครแซทเทลไลท์แตกต่างกัน ตั้งแต่ 6-14 ตำแหน่ง และได้ค่าความแม่นยำอยู่ในช่วง 98.88-99.99 เปอร์เซ็นต์ (Schnabel et al., 2000; Ichikawa et al., 2001; Jakabova rt al., 2002; Jim enez-Gamero et al., 2006 และ Lee and Cho, 2006) ทั้งนี้เนื่องจากความหลากหลายของเครื่องหมายแต่ละตำแหน่งที่แตกต่างกันไปในแต่ละกลุ่มประชากร เป็นปัจจัยสำคัญที่จะส่งผลต่อประสิทธิภาพและความแม่นยำในการวิเคร าะห์ (Groenen et al., 2003) ความผันแปรของจำนวนซ้ำในเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์สามารถนำมาใช้ในการตรวจสอบความสัมพันธ์ได้ เนื่องจากรูปแบบความหลากหลาย ณ ตำแหน่งหนึ่งๆ ที่ตรวจพบเรียกว่า อัลลีล โดยจำนวนและรูปแบบของอัลลีลจะมีความแตกต่างกันไปในสัตว์แต่ละตั ว สัตว์ต่างกลุ่มประชากร และสัตว์ภายในกลุ่มประชากรเดียวกัน (Goldstein and Pollock, 1997 และ Toth et al., 2000) นอกจากนี้เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ในสัตว์แต่ละสายพันธุ์จะมีความแตกต่างกันไป มีลักษณะเป็น Species-specific markers จึงทำให้ไม่สามารถนำไปใช้ ข้ามสายพันธุ์ได้ (Webster and Reichart, 2005) และมีคุณสมบัติเป็นไปตามกฎของเมลเดล สามารถถ่ายทอดจากพ่อแม่ไปยังลูกได้ โดยไม่เปลี่ยนแปลงไปตามปัจจัยของสิ่งแวดล้อม (Curi and Lopes, 2002) ทำให้เครื่องหมายพันธุกรรมชนิดนี้มีความเหมาะสมสำหรับนำมาใช้ในการตรวจสอบความสัมพันธ์ทางสายเลือดอย่างกว้างขวาง

5.2.1 **การวิเคราะห์พันธุ์ประวัติด้วยวิธี** Molecular relatedness

การตรวจสอบความสัมพันธ์ทางสายเลือดของสัตว์ที่ไม่มีพันธุ์ประวัติ (unknown pedigree) ข้อมูลจากเครื่องหมายดีเอ็นเอ โดยเฉพาะเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ โดยดูที่ความแตกต่างของจำนวนซ้ำของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ที่เรียกว่า อัลลีล ซึ่งสัตว์แต่ละตัว อย่างมากจะมีเพียง 2 อัลลีล โดยลูกจะได้รับการถ่ายทอดทางพันธุกรรมจากพ่อและแม่อย่างละครึ่ง (Curi and Lopes, 2002) โดย Blonk et al. (2010) ได้เสนอวิธีการหาความสัมพันธ์ทางเครือญาติของสัตว์ที่ไม่มีพันธุ์ประวัติ (unknown pedigree) โดยใช้ข้อมูลจากเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ซึ่งเป็นอีกวิธีการหนึ่งในกลุ่มของ Relatedness estimator ที่ประยุกต์มาจากวิธีการของ Toro et al. (2002, 2003) โดยเริ่มจากการหาค่าความเหมือน ทางพันธุกรรม (similarity) (Li et al., 1993) โดยคำนวณจากข้อมูลอัลลีลของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จากนั้นนำค่าที่ได้ไปหาค่าความสัมพันธ์ทางเครือญาติ (coancestry) และ

สุดท้ายจะนำค่าที่ได้มาประมาณค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (molecular relatedness) ตามลำดับ

เทคนิคทางด้านอณูพันธุ์ศาสตร์สามารถช่วยให้ทราบข้อมูลทางพันธุกรรมของสัตว์ได้ถูกต้องและแม่นยำ ดังนั้นการใช้เครื่องหมายเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์จะทำให้ผลของความสัมพันธ์ทางครอบครัวชัดเจนขึ้น (Lynch 1988; Queller and Goodnight 1989; Ritland 2000 และ Toro et al. 2002) เรียกวิธีการดังกล่าวว่า “Relatedness estimators” ซึ่งหลักการคำนวณโดยแบ่งได้ 2 วิธี คือ (1) Method-of-moments estimators (Queller and Goodnight 1989; Li et al. 1993; Ritland 1996; Lynch and Ritland 1999 และ Toro et al. 2002) และ (2) Maximum-likelihood estimators หรือ ML (Mousseau et al. 1998; Thomas et al. 2002; Wang, 2004; Herbinger et al., 2006 และ Anderson and Weir, 2007) และจากการวิเคราะห์พันธุประวัติ (pedigree analysis) ด้วยวิธี Molecular relatedness (Toro et al., 2002; 2003) พบว่า ในชุดการคำนวณที่มีการใช้ข้อมูลจากเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่มีรูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกันแทนพันธุประวัติ (pedigree) ทั้ง 3 ชุดการคำนวณ (15, 40 และ 69 ตำแหน่ง) มีค่าไม่แตกต่างกัน (ตารางที่ 4.11) เนื่องจาก ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationship) ที่ได้ เมื่อนำไปคำนวณค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม หรือ เมตริกซ์ส่วนกลับ ($\mathbf{A}^{-1}$) พบว่า มีค่าใกล้เคียงกันมาก และเมื่อนำค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ไปคำนวณค่า correlation ระหว่างข้อมูลที่ได้จากการคำนวณด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 40 และ 69 ตำแหน่ง พบว่า ค่าที่ได้มีความสัมพันธ์กันในระดับสูง ($r \geq 0.9$) (ตารางที่ 4.12)

การวิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม จากการใช้ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ด้วยวิธี Molecular relatedness เปรียบเทียบกับชุดการคำนวณที่ไม่มีข้อมูลของพันธุ์ประวัติ (unknown pedigree) โดยกำหนดค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์ให้มีค่าเป็นศูนย์ (ชุดการคำนวณที่ 4) เมื่อนำค่าพารามิเตอร์ต่างๆ ไปคำนวณค่าการผสมพันธุ์ พบว่า ค่าความแม่นยำ (accuracy) ของค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการเจริญเติบโตทั้งในรูปของความยาวรวมและน้ำหนักตัวที่ได้ในทุกครอบครัว จากการวิเคราะห์ด้วยการใช้พันธุ์ประวัติ มีค่าความแม่นยำสูงเข้าใกล้ 1 ซึ่งค่าความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ ถ้ามีค่าที่ใกล้ 1 แสดงว่าความแปรปรวนของค่าผสมพันธุ์ที่ประมาณขึ้นใกล้เคียงกับความแปรปรวนของค่าพันธุกรรมที่

แท้จริง (มนต์ชัย, 2548) ในขณะที่ค่าความแม่นยำ (accuracy) ของชุดการคำนวณที่ไม่มีข้อมูลของพันธุ์ประวัติ (unknown pedigree) มีค่าความแม่นยำ เฉลี่ยต่ำกว่า 0.6 (LS mean <0.6) (ตารางที่ 4.14 และ ตารางที่ 4.15)

5.2.2 ค่าอัตราพันธุกรรม

ค่าอัตราพันธุกรรม เป็นค่าทางสถิติที่สาม ารถนำมาพิจารณาเพื่อเป็นแนวทางในการปรับปรุงการผลิตของประชากรเพื่อใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ โดยค่าที่ใช้ต้องเป็นค่าอัตราพันธุกรรมอย่างแคบ (heritability in narrow sense) ซึ่งเป็นสัดส่วนความแปรปรวนที่มีผลเนื่องมาจากยีนแบบบวกสะสมต่อความแปรปรวนของลักษณะปรากฏ (สมชัย, 2530) จากการศึกษา พบว่า อัตราการเติบโตของกุ้งกุลาดำในทุกระยะมีส่วนที่ถูกควบคุมโดยพันธุกรรมอย่างมีนัยสำคัญ จึงมีความเป็นไปได้ในการจัดทำโปรแกรมการคัดเลือกเพื่อการผสมพันธุ์ในกุ้งกุลาดำ เนื่องจากอิทธิพลของพันธุกรรมมีผลต่อลักษณะการเติบโตในทุกช่วงอายุ โดยเฉพาะ น้ำหนักซึ่งเป็นลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมที่สูงกว่าค่าอัตราพันธุกรรมของความยาวทุกช่วงอายุ และสามารถลดความแปรปรวนเนื่องจากช่วงเวลาในการผลิตลูกกุ้งโดยการลดเวลาการผลิตลูกกุ้ง และยังพบว่ากุ้งแต่ละครอบครัวมีระดับความแปรปรวนทางพันธุกรรมแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ซึ่งสามารถนำข้อมูลไปใช้ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ได้ (ภาวิณี, 2541; กำธร, 2543; เผดิมศักดิ์ และคณะ, 2543; Jarayabhand et al., 1998) จากการศึกษา พบว่า กุ้งกุลาดำมีค่าอัตราพันธุกรรม ของลักษณะความยาวรวม ที่อายุ 3-5 เดือน เท่ากับ h^2_TL3 = 0.496±0.112; h^2_TL4 = 0.147±0.057 และ h^2_TL5 = 0.165±0.062 ตามลำดับ (ตารางที่ 4.13) และที่อายุ 6 เดือน พบว่ากุ้งกุลาดำมีค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะความยาวรวมและน้ำหนักตัวเท่ากับ h^2_TL6 = 0.310±0.096 และ h^2_BW6 = 0.290±0.093 ตามลำดับ (ตารางที่ 4.11) ซึ่งค่าที่ได้ใกล้เคี ยงกับรายงานการศึกษาค่าอัตราพันธุกรรมของการเจริญเติบโตของกุ้งในกลุ่ม peneaid มีค่าอยู่ระหว่าง 0.1-0.35 (Lester and Lawson, 1990; Wyban, 1992; Gjegrem and Fimland, 1995; Garcia and Benzie, 1995) นอกจากนี้ยังพบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมมีแนวโน้มลดลงเมื่ออายุเพิ่ม ขึ้น จากการศึกษาของ Benzie et al. (1997) พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะความยาวรวมและน้ำหนักในกุ้งกุลาดำมีค่าลดลงจาก 0.5-0.6 ที่อายุ 6 สัปดาห์ เป็น 0.3-0.4 ที่อายุ 10 สัปดาห์ และจากการศึกษาของ ภาวิณี (2541) พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะความยาวในกุ้งกุลาดำมีค่าลดลงจาก 0.15±0.057 ที่อายุ 25 วัน เป็น 0.01±0.014 ที่อายุ 65 วัน แนวโน้มลดลงของค่าอัตราพันธุกรรมเนื่องจากในระยะแรกมีผลของ mathernal effect เช่น

ปริมาณไข่แดงที่ตัวอ่อนได้รับแตกต่างกันตามขนาดของแม่ที่แตกต่างกัน เป็นต้น แต่เมื่ออายุเพิ่มขึ้นผลของสิ่งแ วดล้อม เช่น ปริมาณอาหารและความหนาแน่นในแต่ละถัง จึงทำให้ความแปรปรวนเนื่องจากสภาพแวดล้อมสูงมีผลให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่คำนวณได้มีค่าลดลง

ค่าอัตราพันธุกรรม ถือเป็นคุณสมบัติเฉพาะของลักษณะหนึ่งของสัตว์แต่ละชนิดที่อยู่ในประชากรหนึ่งและภายใต้สภาพแวดล้อมหนึ่งเท่านั้น (สมเกียรติ, 2537) ถ้าต้องการนำค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้จากการประเมินในประชากรอื่น มาใช้ในการปรับปรุงพันธุ์กับอีกประชากรหนึ่ง จำเป็นต้องพิ จารณาความคล้ายคลึงกันของประชากรและสภาพแวดล้อมด้วย (Falconer and Mackay, 1996) โดย Hammond และคณะ (1992) ได้อธิบายถึงปัจจัยสำคัญที่ทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมของลักษณะหนึ่งๆ ในแต่ละประชากรมีความแตกต่างกัน เนื่องมาจากความแตกต่างขององค์ประกอบทางพันธุกรรม เช่น ควา มถี่ยีน อัตราเลือดชิด เป็นต้น นอกจากนั้นยังเป็นผลมาจากสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกัน เช่น การจัดการ การให้อาหาร การเลี้ยงดู เป็นต้น ซึ่งปัจจุบันมีการใช้วิธี REML ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน ช่วยให้สามารถนำข้อมูลที่ได้จากต่างแหล่งที่มามาประเมินร่วมกันได้ โดยมีการปรับค่าอิทธิพลของแหล่งที่มาของข้อมูลนั้นในส่วนของอิทธิพลคงที่ ทำให้ค่าอัตราพันธุกรรมที่ได้เป็นค่าของประชากรอย่างแท้จริง (Misztal, 1999) ซึ่งสอดคล้องกับ จันทร์จรัส (2534) รายงานว่า ค่าอัตราพันธุกรรมที่คำนวณได้จะมีค่าแตกต่างกันไปแล้วแต่ชนิดกลุ่มของปร ะชากรและสถานที่ที่ศึกษา ปัจจุบันการใช้ animal model และการวิเคราะห์แบบ across herd evaluation โดยปรับปัจจัยคงที่เนื่องจากตัวสัตว์ที่มาจากต่างประชากร และค่าประมาณที่ได้เป็นค่าประมาณของประชากรอย่างแท้จริง (Henderson, 1984) โดยประชากรที่มีความแปรปรวนทางพันธุก รรมสูง การคัดเลือกภายในประชากรจะเป็นวิธีการใช้เพื่อการปรับปรุงการผลิต ถ้าหากค่าอัตราพันธุกรรมมีค่าปานกลางหรือต่ำ แต่เป็นลักษณะที่พบว่ามีอิทธิพลของเฮตเตอโรซีส การปรับปรุงพันธุ์ควรพิจารณาการใช้ประโยชน์จากระบบการผสมข้ามในแบบใดแบบหนึ่ง ส่วนลักษณะที่มีค่าอัตราพันธุกรรมต่ำและไม่มีอิทธิพลของเฮตเตอโรซีส ควรเน้นการปรับปรุงการผลิตในด้านของการปรับปรุงสภาพแวดล้อมต่างๆ เช่น การให้อาหาร การจัดการ การเลี้ยงดู หรือ ระบบสุขาภิบาล ส่วนระบบการผสมเลือดชิดจะประยุกต์ใช้ในฝูงสัตว์ที่มีสมรรถภาพการผลิตสูงอยู่แล้วและต้องการเพิ่มความ แปรปรวนทางด้านพันธุกรรมโดยการสร้างเป็นสายพันธุ์ในความพยายามที่จะยกระดับการผลิตให้สูงขึ้น (สมชัย, 2530)

ปัจจุบันประเทศไทยได้มีการศึกษาวิจัยในการปรับปรุงพันธุ์กุ้งกุลาดำเพื่อให้เป็นสายพันธุ์เลี้ยง (domesticated breed) และมีลักษณะที่ต้องการโดยมีความสนใจลัก ษณะที่สำคัญที่สุด คือ ลักษณะน้ำหนักตัว (body weight) และความยาวรวม (total length) โดย เผดิมศักดิ์และคณะ (2543) ทำการประเมินค่าอัตราพันธุกรรมของการเจริญเติบโตโดยใช้โปรแกรมการคัดเลือก พบว่า การใช้เครื่องหมายพันธุกรรมที่มีความจำเพาะต่อประชากรกุ้งกุลาดำมีค่าอั ตราพันธุกรรมในการเพิ่มประสิทธิภาพของการผลิตกุ้งกุลาดำ และสามารถเพิ่มให้สูงขึ้นได้ระหว่างร้อยละ 2.6-5.8 ในรูปของความยาวรวม หรือ ประมาณร้อยละ 9-20 ในรูปน้ำหนักตัวโดยรวมต่อการคัดเลือกพันธุ์ในแต่ละรุ่น ถ้ามีการจัดการที่เหมาะสม

5.2.3 ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ

การวางแผนคัดเลือกลักษณะที่สำคัญทางเศรษฐกิจเพื่อความก้าวหน้าในการปรับปรุงพันธุ์สัตว์ หากทำการคัดเลือกทีละลักษณะก็จะเพิ่มความก้าวหน้าในการคัดเลือกลักษณะนั้นๆ ได้เร็ว แต่ถ้าหากเป็นการคัดเลือกทีละหลายลักษณะพร้อมกัน ความก้าวหน้าใน การคัดเลือกจะเป็นไปอย่างช้าๆ โยการคัดเลือกหลายลักษณะพร้อมกัน เราจะต้องทราบว่าลักษณะใดบ้างที่มีความสัมพันธ์กัน และลักษณะต่างๆ ที่จะทำการคัดเลือกมีความสัมพันธ์กันในรูปแบบใด เนื่องจากลักษณะทางเศรษฐกิจบางลักษณะอาจจะมีความสัมพันธ์กันในเชิงบวกหรืออาจจะมีความสัมพันธ์ในเชิงลบ ซึ่งค่าโยทั่วไปจะอยู่ระหว่าง –1 ถึง +1 (สมชัย, 2530)

การวัดความสัมพันธ์ของลักษณะสองลักษณะสามารถวัดออกมาได้ด้วยค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic correlation) และสหสัมพันธ์ลักษณะปรากฏ (phenotypic correlation) ซึ่งการวัดค่าสหสัมพันธ์ทั้งสองแบบ นั้นจำเป็นต้องวิเคราะห์ค่าความแปรปรวนและความแปรปรวนร่วม (analysis of variance and covariance) ของสองลักษณะพร้อมกัน (Becker, 1985) จากการศึกษา พบว่า ที่อายุ 6 เดือน กุ้งกุลาดำมีค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏและค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าเท่ากับ 0.914±0.012 และ 0.970±0.019 ตามลำดับ ซึ่งค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏและค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ที่ได้มีค่าสูงและความสัมพันธ์ของลักษณะทั้งสองมีค่าเป็นบวก ทำให้ทราบว่า ที่อายุ 6 เดือน การคัดเลือกกุ้งกุลาดำพันธุ์เพื่อปรับปรุงลักษณะการเจริญเติบโตไม่ว่าจะทำการคัดเลือกด้ว ยความยาวรวมหรือน้ำหนักตัวก็จะส่งผลให้อีกลักษณะหนึ่งพัฒนาขึ้นไปในทิศทางเดียวกัน ซึ่งค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจะแสดงถึงความสัมพันธ์กันของสองลักษณะ หากมีค่าเป็นบวก แสดงว่าเมื่อคัดเลือก

ลักษณะใดลักษณะหนึ่งให้เพิ่มอีกลักษณะหนึ่งก็จะเพิ่มขึ้นตามไปด้วย หากมีค่าเป็ นลบ ก็จะมีผลในทางตรงข้ามหรือสวนทางกัน (สมชัย, 2527; ยอดชาย, 2544 และ Sivarajasingam et al., 1998) เนื่องจาก ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเป็นค่าที่ได้จากการวิเคราะห์ร่วมระหว่างสองลักษณะ ซึ่งจะบอกถึงความสัมพันธ์ของพันธุกรรมที่ควบคุมการแสดงออกของสองลักษณะว่ามีการแสดงออกในทิศทางเดียวกันหรือตรงกันข้ามกัน หากการแสดงออกเหมือนกัน เช่น เพิ่มขึ้นเหมือนกัน แสดงว่า มีค่าเป็นบวก หากการแสดงออกสวนทางกัน เช่น ลักษณะหนึ่งเพิ่มขึ้นแต่อีกลักษณะหนึ่งลดลง แสดงว่า มีค่าเป็นลบ ซึ่งค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมจะมีผลต่อการคัดเลือก หมายถึง เมื่อคัดเลือกลักษณะหนึ่งอาจส่งผลต่อการแสดงออกของอีกลักษณะหนึ่ง เป็นต้น (สมชัย 2527; Falconer, 1996 และ Bourdon, 2000b) ส่วนค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ เป็นค่าที่แสดงถึงความสัมพันธ์ของการแสดงออกของสองลักษณะ ว่ามีทิศทางที่เหมือนหรือแตกต่างกัน โดยถ้าเหมือนกั น ค่าก็จะมีค่าเป็นบวก และถ้าสวนทางกันค่าก็จะมีค่าเป็นลบ ซึ่งค่าจะเป็นผลรวมของพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมรวมกัน (Bourdon, 2000b)

ค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรม เป็นค่าที่ใช้บ่งบอกระดับความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม หรือ คุณค่าของการผสมพันธุ์ (Estimated Breeding Value; EBV หรือ additive genes) ระหว่างสองลักษณะใดๆ นักปรับปรุงพันธุ์สัตว์มักให้ความสำคัญกับค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมากกว่าค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏ ทั้งนี้เป็นเพราะว่าถ้าลักษณะสองลักษณะมีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสูง นั่นหมายความว่า การคัดเลือกลักษณะหนึ่งจะทำให้อี กลักษณะหนึ่งเปลี่ยนแปลงไปด้วย นอกจากนี้การวัดสมรรถภาพการผลิต (performance) ของลักษณะหนึ่งสามารถใช้ทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ (EBV) ของอีกลักษณะหนึ่งได้

5.2.4 ค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการเจริญเติบโต

การปรับปรุงพันธุ์ในอดีต จะทำการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์ โดยพิจารณาจากลักษณะภายนอกเพียงอย่างเดียว ทำให้ไม่สามารถเห็นคุณค่าทางพันธุกรรมที่แท้จริงของสัตว์ตัวนั้นๆ ได้ เพราะลักษณะที่ปรากฏภายนอกเป็นอิทธิพลร่วมระหว่างพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม (สมชัย, 2530) ดังนั้นการจัดลำดับความดีเด่นทางพันธุกรรมของสัตว์จึงต้องพิจารณาจาก ความสามารถที่แท้จริงของสัตว์ โดยพิจารณาจากค่าการผสมพันธุ์ (EBV) (ศรเทพ, 2531) จากการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตในประชากรกุ้งกุลดำ ภายใต้การดูแลของหน่วยกักกันโรคจากพ่อแม่พันธุ์กุ้ง มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์ พบว่า ที่อายุ 6 เดือน กุ้งกุลาดำมีค่าการผสมพันธุ์ของความยาวรวม (EBV_TL6) อยู่ในช่วง -1.246±0.313 ถึง 1.376±0.311 โดยมีค่าความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ (ACC) เฉลี่ยเท่ากับ 0.910 (ตารางที่ 4.20) และน้ำหนักตัว (EBV_BW6) อยู่ในช่วง -3.271±1.086 ถึง 5.213±1.092 โดยมีค่าความแม่นยำของค่า การผสมพันธุ์ เฉลี่ยเท่ากับ 0.910 ตามลำดับ (ตารางที่ 4.21) ซึ่งการทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์โดยใช้ animal model จะมีประโยชน์อย่างมากทางด้านการปรับปรุงพันธุ์ เนื่องจากพ่อแม่พันธุ์ที่มีค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะที่ต้องการสูงจะถูกคัดเลือกไว้ผสมพันธุ์ เพื่อกระจายยีน ที่ดีออกไปสู่ลูกหลานต่อไป ดังนั้นการทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ด้วยวิธีการที่ถูกต้องนอกจากสามารถให้ผลการทำนายได้อย่างแม่นยำยังสามารถช่วยให้การปรับปรุงพัฒนาสายพันธุ์กุ้งกุลาดำบรรลุวัตถุประสงค์และเป้าหมายได้รวดเร็วยิ่งขึ้น ซึ่งจะทำให้การพัฒนาสายพันธุ์กุ้งกุลาดำข องประเทศไทยมีความก้าวหน้ามากขึ้น

การปรับปรุงพันธุ์กุ้งกุลาดำเพื่อให้ได้ผลผลิตตามความต้องการของนักปรับปรุงพันธุ์นั้น จำเป็นต้องอาศัยความถูกต้องของการบันทึกข้อมูลเพื่อที่จะนำค่าที่ได้มาใช้ในการประมาณค่าองค์ประกอบความแปรปรวน ค่าอัตราพันธุกรรม ค่าสหสัมพันธ์ แ ละทำนายคุณค่าการผสมพันธุ์ของกุ้งกุลาดำ ซึ่งเราสามารถที่จะนำค่าที่ทำนายได้มาใช้ในการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์ในลักษณะทางเศรษฐกิจ เพื่อใช้ในการพัฒนาสายพันธุ์กุ้งกุลาดำต่อไปในอนาคตได้

5.3 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์กับลักษณะการเจริญเติบโต ด้วยวิธี Logistic Regression Analysis

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างแถบดีเอ็นเอกับการแสดงออกของกุ้งแต่ละกลุ่มเพื่อบ่งชี้ความสัมพันธ์ด้วยวิธี Logistic Regression Analysis (LRA) เป็นเทคนิคที่ใช้ในการทำนายความน่าจะเป็นที่อัลลีลนั้ นๆ จะมีความจำเพาะกับกุ้งในกลุ่มที่มีการเจริญเติบโตดี ด้วยการหาความน่าจะเป็นสูงสุด (maximum likelihood method) ในการประมาณค่าพารามิเตอร์ของโมเดล (ปรัชญาพร, 2550) อีกทั้งตัวแปรตามเป็นตัวแปรเชิงกลุ่มที่มีลักษณะเป็นตัวแปรแบบแบ่ง 2 กลุ่ม (dichotomy) ดังนั้นจำเป็นต้องใช้เทคนิคการวิเคราะห์ด้วยวิธี Logistic regression analysis ซึ่งต้องมีการแปลงข้อมูลโดยการใช้ Logarithmic transformation เพื่อให้ผลที่ได้มีรูปแบบความสัมพันธ์เชิงเส้นตรง ในขณะที่ความสัมพันธ์แท้จริงไม่ได้เป็นเชิงเส้นตรง (ฉัตรศิริ. 2544)

การวิเคราะห์หาคว ามสัมพันธ์ของลักษณะการเจริญเติบโตในประชากรกุ้งกุลาดำ จำเป็นต้องเลือกประชากรกุ้งกุลาดำจากครอบครัวที่มีค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะน้ำหนักตัว ที่อายุ 6 เดือน (EBV_BW6) มีค่าเป็นบวก (ตารางที่ 4.22) เนื่องจากการใช้ข้อมูลจากค่าการผสมพันธุ์ (EBV) หาความสัมพันธ์กับเค รื่องหมายดีเอ็นเอเพื่อนำมาใช้ในการคัดเลือก (MAS) จะมีความไว (sensitivity) ในการทดสอบสูงกว่าใช้ข้อมูลจากลักษณะปรากฏ (phenotypic data) (มนต์ชัย และคณะ , 2552) จากการศึกษา พบเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่แสดงความสัมพันธ์กับลักษณะการเจริญเติบโตดีอย่างมีนั ยสำคัญทางสถิติ ($P<0.05$) จำนวน 7 อัลลีล (75.0-91.7% Predicted Correct) (ตารางที่ 4.25) โดย มนต์ชัย และคณะ (2552) กล่าวว่า การวิเคราะห์พบว่ารูปแบบของเครื่องหมายดีเอ็นเอนั้นมีอิทธิพลอย่างมีนัยสำคัญต่อลักษณะที่ทำการศึกษา ($P<0.05$) ก็สามารถยืนยันได้ว่าเครื่องหม ายเอ็นเอนั้นสามารถนำไปใช้ในการคัดเลือกได้ ซึ่งผลที่ได้เป็นไปในทิศทางเดียวกับงานวิจัยของ มนต์ชัย และคณะ (2552) ทำการศึกษาเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่เกี่ยวข้องกับความสมบูรณ์พันธุ์ในโคนมภายใต้สภาพร้อนชื้น โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 9 ตำแหน่ง ในการตรวจหาอัลลีลที่มีความสัมพันธ์กับโคที่มีค่าการผสมพันธุ์ของช่วงห่างของการคลอดในระยะต่างๆ ด้วยวิธี Logistic regression analysis ซึ่งสามารถตรวจพบอัลลีลที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะดังกล่าวจำนวน 5 อัลลีล (BMS871, MB101, MB079, BL41และ BM4129) ($P<0.05$) และยังสอดคล้องกับการศึกษาของ ปรัชญาพร (2553) ที่ตรวจหาเครื่องหมายดีเอ็นเอที่สัมพันธ์กับ

ลักษณะความสมบูรณ์พันธุ์ในกระบือปลัก โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 ตำแหน่ง ในการตรวจหาอัลลีลที่มีความสัมพันธ์กับกระบือปลักที่มีค่าการผสมพันธุ์ขอ ง ลักษณะอายุเมื่อให้ลูกครั้งแรกและลักษณะช่วงห่างการให้ลูก โดยเปรียบเทียบการวิเคราะห์ ระหว่างวิธี Logistic Regression Analysis และ General Linear Model (GLM) ซึ่งสามารถ ตรวจพบอัลลีลที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะอายุเมื่อให้ลูกครั้งแรก จำนวน 1 อัลลีล (DIK4496) และลักษณะช่วงห่างการให้ลูก จำนวน 1 อัลลีล (MAF50)($P<0.05$) ตามลำดับ และจากการ เปรียบเทียบวิธีการวิเคราะห์ระหว่างวิธี LRA และ GLM พบว่า จากข้อกำหนดของ GLM ที่ว่า ข้อมูลที่นำมาวิเคราะห์ต้องมีกี่กระจายข้อมูลแบบปกติ แต่เนื่องจากลักษณะทางเศรษฐกิจส่วน ใหญ่ที่เกี่ยวข้องกับลักษณะปริมาณ เป็นข้อมูลแบบต่อเนื่องซึ่งมีการกระจายแบบไม่ปกติ ดังนั้นจึง ควรใช้วิธี Logistic regression analysis ในการวิเคราะห์เพื่อหารูปแบบของเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ มีความสัมพันธ์กับลักษณะที่ทำการศึกษามากว่าการวิเคราะห์ด้วยวิธี GLM