

บทที่ 6

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

6.1 สรุปผลการวิจัย

6.1.1 ประชากรกุ้งกุลาดำภายใต้การดูแลของหน่วยกักกันโรคจากพ่อแม่พันธุ์กุ้ง (Shrimp Research Unit; SQC) หน่วยวิจัยกุ้ง ม.วลัยลักษณ์ ที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ จำนวน ทั้งหมด 12 ครอบครัว โดยแบ่งประชากรพื้นฐานตามแหล่งที่มาของพ่อแม่พันธุ์ได้เป็น 2 กลุ่ม คือ ทะเลตามธรรมชาติในเขต จ.ภูเก็ต จำนวน 6 ครอบครัว คือ Q13 Q14 Q15 Q16 Q19 และ Q74 ตามลำดับ และทะเลตามธรรมชาติในเขต จ.สตูล จำนวน 6 ครอบครัว คือ Q27 Q29 Q34 Q61 Q62 และ Q63 ตามลำดับ

6.1.2 ข้อมูลพื้นฐานทางสถิติเบื้องต้นของการเจริญเติบโตเฉลี่ย ในประชากรกุ้งกุลาดำ ทั้ง 12 ครอบครัว ที่อายุ 3 4 และ 5 เดือน กุ้งกุลาดำมีความยาวรวมเฉลี่ย เท่ากับ 5.43 ± 1.27 7.93 ± 1.22 และ 9.75 ± 1.28 เซนติเมตร ตามลำดับ ในขณะที่อายุ 6 เดือน กุ้งกุลาดำมีการเจริญเติบโตเฉลี่ย ในรูปความยาว รวมและน้ำหนักตัว เท่ากับ 10.90 ± 1.36 เซนติเมตร และ 13.14 ± 4.83 กรัม ตามลำดับ

6.1.3 จากการวิเคราะห์รูปแบบพันธุกรรมของกุ้งกุลาดำด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 90 ตำแหน่ง พบว่า สามารถแยกเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ได้ เป็น 2 กลุ่ม คือ เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่มีรูปแบบของแถบดีเอ็นเอเหมือนกัน (monomorphism microsatellite) จำนวน 14 ตำแหน่ง และเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่มีรูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน (polymorphism microsatellite) จำนวน 76 ตำแหน่ง

6.1.4 จากการศึกษาคำอธิบายเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลต์ ที่มีรูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน จากทั้งหมด 76 ตำแหน่ง พบว่า โดยทั่วไปจะมีขนาดของแถบดีเอ็นเออยู่ในช่วง 100-500 คู่เบส (bp) และสามารถตรวจพบอัลลีลทั้งหมด จำนวน 688 อัลลีล โดยตำแหน่งที่พบตรวจพบจำนวนอัลลีลมากที่สุด คือ เครื่องหมาย PmMS13 ซึ่งสามารถตรวจพบอัลลีล จำนวน 23 อัลลีล ในขณะที่ตำแหน่งที่สามารถตรวจพบจำนวนของอัลลีลน้อยที่สุด ซึ่งมีจำนวนตำแหน่งละ 2 อัลลีล คือ เครื่องหมาย DPm213 DPm218 DPm309 และ DPm314 ตามลำดับ โดยตรวจพบอัลลีล เฉลี่ยตำแหน่งละ 9.05 ± 4.62 อัลลีล ซึ่งในแต่ละอัลลีล มีความถี่ตั้งแต่ 0.016-0.778 โดยตำแหน่งที่มีความถี่ของอัลลีลมากที่สุด คือ เครื่องหมาย DPm204 (DPm204-1) DPm218 (DPm218-1) และ DPm314 (DPm314-1) ซึ่งมีความถี่ เท่ากับ 0.778 ในขณะที่ตำแหน่งที่มีความถี่ของอัลลีลน้อยที่สุด คือ เครื่องหมาย DPm315 (DPm315-5) ซึ่งมีความถี่ เท่ากับ 0.016 ตามลำดับ

6.1.5 จากการวิเคราะห์พันธุประวัติด้วยวิธี Molecular relatedness โดยใช้ข้อมูลจากเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลต์ ที่มีรูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน ทั้ง 3 ชุดการคำนวณ (15 40 และ 69 ตำแหน่ง) พบว่า ทั้ง 3 ชุดการคำนวณที่ใช้พันธุประวัติมีความสัมพันธ์อย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($P < 0.01$) ดังนั้นในการหาความสัมพันธ์ของสัตว์ที่ไม่ทราบพันธุประวัติ ด้วยวิธี Molecular relatedness เพื่อประเมินความสามารถทางพันธุกรรม สามารถใช้ข้อมูลจากเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลต์ จำนวน 15 ตำแหน่ง

6.1.6 ค่าอัตราพันธุกรรมของของความยาวรวมในกึ่งกุลาดำ ที่อายุ 3 4 และ 5 เดือน มีค่าเท่ากับ 0.496 ± 0.112 0.147 ± 0.057 และ 0.165 ± 0.062 ตามลำดับ และค่าอัตราพันธุกรรมของความยาวรวมและน้ำหนักตัว ที่อายุ 6 เดือน เท่ากับ 0.310 ± 0.096 และ 0.290 ± 0.093 ตามลำดับ ในขณะที่ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏและค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าเท่ากับ 0.914 ± 0.012 และ 0.970 ± 0.019 ตามลำดับ

6.1.8 จากการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโต ด้วยวิธี BLUP analysis พบว่า ที่อายุ 6 เดือน กึ่งกุลาดำมีค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการเจริญเติบโต ในรูปของความยาวรวมอยู่ในช่วง -1.246 ± 0.313 ถึง 1.376 ± 0.311 ในขณะที่ค่าการผสมพันธุ์ของน้ำหนักตัวอยู่ในช่วง -3.271 ± 1.086 ถึง 5.213 ± 1.092

6.1.9 จากการจัดลำดับความสามารถทางพันธุกรรม โดยใช้ค่าการผสมพันธุ์ของน้ำหนักตัว พบว่า ที่อายุ 6 เดือน มีกึ่งกลางค่า ที่เจริญเติบโตดี จำนวน 7 ครอบครัว คือ Q74 (5.213 ± 1.092) Q63 (2.571 ± 1.088) Q62 (2.099 ± 1.091) Q16 (0.942 ± 1.107) Q34 (0.327 ± 1.088) Q61 (0.285 ± 1.089) และ Q19 (0.146 ± 1.097) ตามลำดับ

6.1.10 การวิเคราะห์อิทธิพลของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ด้วยวิธี logistic regression analysis พบว่า มีอัลลีลที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะการเจริญเติบโตดีของกึ่งกลางค่า ในรูปของค่าการผสมพันธุ์ของน้ำหนักตัว ที่อายุ 6 เดือน จำนวน 7 อัลลีล ซึ่งแสดงความสัมพันธ์กับลักษณะการเจริญเติบโตดีอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P < 0.05$) จากเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 5 ตำแหน่ง โดยมีค่า % Predicted Correct ระหว่าง 75.0-91.7 เปอร์เซนต์ ซึ่งตำแหน่งที่มีค่าความแม่นยำสูงสุด คือ DPm142-3 และ DPm103-5 โดยมีค่า Predicted correct ถึง 91.7 เปอร์เซนต์ ในขณะที่ตำแหน่งที่มีค่าความแม่นยำต่ำสุดคือ PmMS2-4 โดยมีค่า % Predicted correct เท่ากับ 75.0 เปอร์เซนต์

6.2 ข้อเสนอแนะ

6.2.1 การวิจัยครั้งนี้เป็นการศึกษาข้อมูลทางพันธุกรรมและตรวจหารูปแบบของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะการเจริญเติบโตในรูปน้ำหนักตัวของกึ่งกุลาดำ ที่อายุ 6 เดือน เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานในการคัดเลือกพ่อแม่พันธุ์กึ่งกุลาดำในแผนการปรับปรุงพันธุ์

6.2.2 การหารูปแบบอัลลีลของ เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ด้วยเทคนิคพีซีอาร์ ควรมีการหาจุด annealing temperature ที่เหมาะสม ในแต่ละตำแหน่งของเครื่องหมาย ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ เนื่องจากมีหลายตำแหน่งที่มีแถบของดีเอ็นเอใกล้เคียงกันมาก (stutter band) ทำให้จำแนกความแตกต่างของอัลลีลได้ไม่แม่นยำเท่าที่ควร

6.2.4 การวิเคราะห์ข้อมูลของ เครื่องหมาย ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ที่สัมพันธ์กับลักษณะการเจริญเติบโต ในกึ่งกุลาดำ ควรมี จำนวนของตัวอย่าง ที่ใช้ในการวิเคราะห์มากพอ เพื่อให้เห็นความแตกต่างของรูปแบบ อัลลีลที่ความสัมพันธ์กับกึ่งกลุ่มที่มีการเจริญเติบโตสูงได้ อย่างชัดเจน และสามารถวิเคราะห์ข้อมูลได้แม่นยำยิ่งขึ้น

6.2.5 เครื่องหมายดีเอ็นเอที่พบจากการศึกษาครั้งนี้ มีความเหมาะสมที่ใช้ในการตรวจสอบกึ่งกุลาดำที่มีลักษณะการเจริญเติบโตสูง ที่ได้รับการพัฒนาสายพันธุ์จากหน่วยกักกันโรคจากพ่อแม่พันธุ์กึ่ง หน่วยวิจัยกึ่ง ม มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์เท่านั้น เนื่องจากกึ่งกุลาดำมีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง ดังนั้นอาจไม่สามารถตรวจพบเครื่องหมายดีเอ็นเอ ดังกล่าว จากการศึกษานี้กับประชากรแหล่งอื่น อย่างไรก็ตามควรนำเครื่องหมายดีเอ็นเอที่ได้ไปทดสอบกับกึ่งกุลาดำจากแหล่งอื่นต่อไป