

บทที่ 4

ผลการวิจัย

4.1 การวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้น

4.1.1 ประชากรพื้นฐาน

การศึกษาในครั้งนี้ใช้ประชากรกุ้งกุลาดำภายใต้การดูแลของหน่วยกักกันโรคจากพ่อแม่พันธุ์กุ้ง (Shrimp Research Unit; SQC) ม.วลัยลักษณ์ จำนวน 12 ครอบครัว คือ Q13 Q14 Q15 Q16 Q19 Q27 Q29 Q34 Q61 Q62 Q63 และ Q74 ตามลำดับ โดยสามารถแบ่งประชากรทั้งหมดตามแหล่งที่มาของพ่อแม่พันธุ์ได้เป็น 2 กลุ่ม ดังนี้

- ประชากรที่ได้จาก พ่อแม่พันธุ์กุ้งกุลาดำที่จับในทะเลตามธรรมชาติในเขต จ.ภูเก็ต จำนวน 6 ครอบครัว คือ Q13 Q14 Q15 Q16 Q19 และ Q74 ตามลำดับ
- ประชากรที่ได้จาก พ่อแม่พันธุ์กุ้งกุลาดำที่จับในทะเลตามธรรมชาติในเขต จ.สตูล จำนวน 6 ครอบครัว คือ Q27 Q29 Q34 Q61 Q62 และ Q63 ตามลำดับ

4.1.2 การวิเคราะห์ข้อมูลพื้นฐานทางสถิติ

จากการวิเคราะห์ข้อมูลเบื้องต้นของการเจริญเติบโต ของประชากรกุ้งกุลาดำ ที่อายุ 3-6 เดือน ผลที่ได้จากค่าทางสถิติพื้นฐาน ประกอบด้วย ค่าเฉลี่ย ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าสูงสุด และค่าต่ำสุด ดังแสดงในตารางที่ 4.1-4.2

ที่อายุ 3 เดือน กุ้งกุลาดำ มีความยาวรวมเฉลี่ย เท่ากับ 5.43 ± 1.27 เซนติเมตร ครอบครัวที่มีความยาวรวมมากที่สุด คือ Q62 (6.62 ± 1.16 เซนติเมตร) ในขณะที่ครอบครัวที่มีความยาวรวมน้อยที่สุด คือ Q29 (3.51 ± 0.38 เซนติเมตร)

ที่อายุ 4 เดือน กุ้งกุลาดำมี มีความยาวรวมเฉลี่ย เท่ากับ 7.93 ± 1.22 เซนติเมตร ครอบครัวยที่มีความยาวรวมมากที่สุด คือ Q62 (8.58 ± 1.22 เซนติเมตร) ในขณะที่ครอบครัวยที่มีความยาวรวมน้อยที่สุด คือ Q15 (7.10 ± 0.91 เซนติเมตร)

ที่อายุ 5 เดือน มีความยาวรวมเฉลี่ย เท่ากับ 9.75 ± 1.28 เซนติเมตร ครอบครัวยที่มีความยาวรวมมากที่สุด คือ Q62 (10.39 ± 1.19 เซนติเมตร) ในขณะที่ครอบครัวยที่มีความยาวรวมน้อยที่สุด คือ Q13 (8.60 ± 1.39 เซนติเมตร)

ที่อายุ 6 เดือน กุ้งกุลาดำมีการเจริญเติบโตเฉลี่ย ในรูปความยาวรวมและน้ำหนักตัว เท่ากับ 10.90 ± 1.36 เซนติเมตร และ 13.14 ± 4.83 กรัม ตามลำดับ ครอบครัวยที่มีความยาวรวมมากที่สุด คือ Q63 (11.94 ± 1.04 เซนติเมตร) ในขณะที่ครอบครัวยที่มีความยาวรวมน้อยที่สุด คือ Q13 (9.16 ± 1.63 เซนติเมตร) ส่วนครอบครัวยที่มีน้ำหนักตัวมากที่สุด คือ Q63 (17.30 ± 4.59 กรัม) ในขณะที่ครอบครัวยที่มีน้ำหนักตัวน้อยที่สุด คือ Q13 (7.76 ± 4.39 กรัม)

ตารางที่ 4.1 ค่าสถิติพื้นฐานของลักษณะการเจริญเติบโตในรูปของความยาวรวม (เซนติเมตร) ของประชากรกิ้งกูดำ ที่อายุ 3-5 เดือน

ครอบครัว	3 เดือน					4 เดือน					5 เดือน				
	จำนวน (ตัว)	ความยาวรวม (ซม.)				จำนวน (ตัว)	ความยาวรวม (ซม.)				จำนวน (ตัว)	ความยาวรวม (ซม.)			
		mean	±S.D.	max	min		mean	±S.D.	max	min		mean	±S.D.	max	min
Q13	1,000	4.69	0.82	8.00	2.10	100	7.39	0.68	10.00	6.00	428	8.60	1.39	13.00	5.00
Q14	630	4.84	1.08	11.60	2.90	100	7.22	1.01	10.40	5.40	280	9.27	1.18	14.30	6.20
Q15	1,000	4.83	0.85	11.00	2.00	100	7.10	0.91	11.00	5.00	425	9.07	1.07	14.10	5.90
Q16	600	4.88	0.73	7.70	2.50	100	7.76	0.83	10.20	6.00	430	9.27	0.95	12.10	6.20
Q19	1,000	4.85	0.78	9.10	0.60	200	7.83	1.05	10.80	5.20	883	10.14	1.30	16.00	6.20
Q27	1,000	5.58	0.71	8.00	4.00	1,000	7.38	0.92	10.40	4.70	879	9.53	0.97	12.70	6.20
Q29	1,000	3.51	0.38	4.00	1.90	842	7.90	0.88	11.70	6.40	574	10.31	0.96	13.70	7.00
Q34	1,000	6.21	1.14	14.80	4.00	969	8.37	1.13	15.00	5.50	869	10.00	1.11	15.80	6.80
Q61	899	5.78	0.98	9.50	3.50	900	7.57	1.13	10.70	3.80	806	9.52	1.31	13.20	1.20
Q62	848	6.62	1.16	10.70	4.20	830	8.58	1.22	12.70	5.40	826	10.39	1.19	13.80	6.40
Q63	1,000	6.30	1.13	10.50	3.30	1,000	8.23	1.20	12.60	4.70	1000	10.11	1.10	13.80	6.40
Q74	1,000	6.55	1.23	10.30	3.70	921	8.22	1.04	12.20	5.30	921	10.15	1.05	13.60	5.90

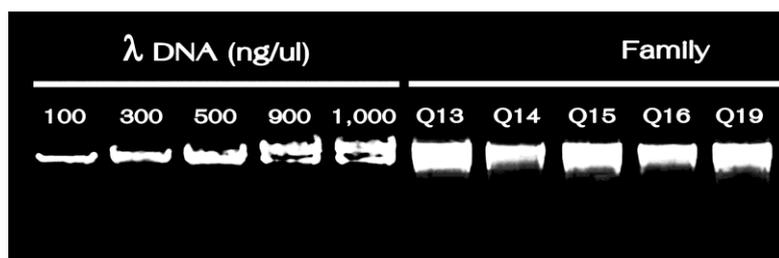
ตารางที่ 4.2 ค่าสถิติพื้นฐานของลักษณะการเจริญเติบโตในประชากรกิ้งกูดดำ ที่อายุ 6 เดือน

ครอบครัว	จำนวน (ตัว)	ความยาวรวม (เซนติเมตร)				น้ำหนักตัว (กรัม)			
		mean	±S.D.	max	min	mean	±S.D.	max	min
Q13	297.00	9.16	1.63	14.30	5.00	7.76	4.39	29.00	1.00
Q14	269.00	10.09	0.97	13.00	7.50	9.40	2.83	19.00	3.00
Q15	370.00	10.04	1.05	14.10	7.40	9.57	3.37	29.00	3.00
Q16	203.00	10.84	1.26	15.20	6.50	11.97	5.23	34.00	2.00
Q19	611.00	11.00	1.27	16.00	7.00	12.84	4.69	38.00	3.00
Q27	882.00	10.28	1.01	13.30	1.00	11.44	3.24	22.34	1.17
Q29	388.00	11.06	0.95	16.10	8.20	12.68	3.18	27.29	5.16
Q34	648.00	11.38	1.08	16.20	7.60	15.05	4.46	41.30	4.78
Q61	579.00	11.21	1.24	15.00	6.20	14.78	4.76	36.00	2.50
Q62	473.00	11.77	1.25	15.00	7.00	16.83	5.02	34.00	3.00
Q63	640.00	11.94	1.04	15.20	9.20	17.30	4.59	36.00	7.50
Q74	551.00	11.80	0.97	14.80	9.20	16.26	3.92	28.50	6.50

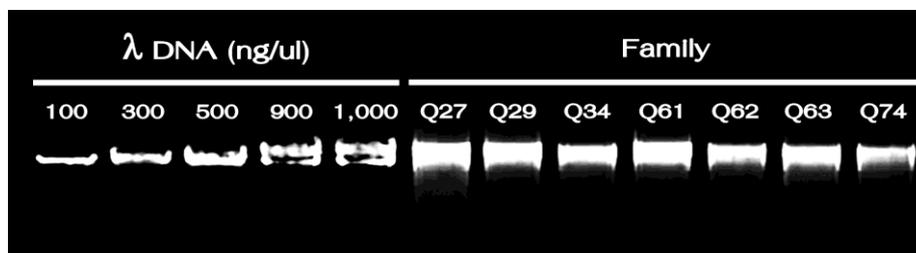
4.2 การวิเคราะห์รูปแบบของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์

4.2.1 การสกัดดีเอ็นเอ

หลังการสกัดดีเอ็นเอด้วย วิธี Proteinase K Incubation method (Wuthisuthimethavee et al., 1999) พบว่า ดีเอ็นเอที่ได้ จากการสกัด ตัวอย่าง ขาว่ายน้ำ (pleopod) ของกุ้งกุลาดำ ทั้ง 14 ครอบครัว มีคุณภาพดี ซึ่งสังเกตได้จากสัดส่วนของชิ้นดีเอ็นเอที่ขาดเป็นท่อนเล็กจะมีปริมาณเพียงเล็กน้อย เมื่อเปรียบเทียบกับปริมาณดีเอ็นเอที่ได้มีการอัดตัวกันแน่น เป็น band ชัดเจน และมีปริมาณมากเพียงพอต่อการศึกษาใน ขั้นตอนต่อไป (ภาพที่ 4.1 และ ภาพที่ 4.2)



ภาพที่ 4.1 ดีเอ็นเอจากการสกัดตัวอย่างกุ้ง ครอบครัว Q13 Q14 Q15 Q16 และ Q19 ตามลำดับ (ตรวจสอบด้วย 1% agarose gel electrophoresis; λ DNA = ดีเอ็นเอมาตรฐาน)



ภาพที่ 4.2 ดีเอ็นเอจากการสกัดตัวอย่างกุ้ง ครอบครัว Q27 Q29 Q34 Q61 Q62 Q63 และ Q74 ตามลำดับ

(ตรวจสอบด้วย 1% agarose gel electrophoresis; λ DNA = ดีเอ็นเอมาตรฐาน)

4.2.2 การเพิ่มปริมาณเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ด้วยเทคนิคพีซีอาร์

หลังการเพิ่มปริมาณเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ด้วยเทคนิคพีซีอาร์ และย้อมดีเอ็นเอ ด้วยวิธี Silver staining จากนั้นแยกขนาดของ ผลผลิตพีซีอาร์ ด้วยเทคนิคอิเล็กโตรโฟรีซิส บน 5% โพลีอะคริลาไมด์เจล

จากการวิเคราะห์รูปแบบพันธุกรรมของกุ่มกุลาดำด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 90 ตำแหน่ง พบว่า สามารถแยกเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ได้ เป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มแรก เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่มีรูปแบบของแถบดีเอ็นเอ เหมือนกัน (monomorphism microsatellite) ซึ่งไม่สามารถแยกความแตกต่างระหว่าง ครอบครัวของกุ่มกุลาดำได้ จำนวน 14 ตำแหน่ง และกลุ่มที่สองเป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่มีรูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่ แตกต่างกัน (polymorphism microsatellite) ซึ่งสามารถแยกความแตกต่างระหว่างครอบครัวของกุ่มกุลาดำได้ จำนวน 76 ตำแหน่ง (ตารางที่ 4.3)

4.3 การวิเคราะห์พันธุศาสตร์ปริมาณ (Quantitative genetic analysis)

4.3.1 การวิเคราะห์พันธุประวัติ

วิเคราะห์พันธุประวัติ ด้วยวิธี Molecular relatedness (Toro et al., 2002; 2003) ซึ่งเป็นการหาความสัมพันธ์ของ สัตว์ที่ไม่ทราบพันธุประวัติ หรือ ประชากรตามธรรมชาติ โดยใช้ ข้อมูลจากการวิเคราะห์ทางพันธุกรรม จาก เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่มีรูปแบบของ แถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน ทั้งหมด จำนวน 76 ตำแหน่ง มีเพียง 69 ตำแหน่งเท่านั้นที่มีข้อมูล ทั้งหมดสมบูรณ์ (ตารางที่ 4.3) ดังนั้นจึงแบ่งข้อมูลออกเป็น 3 ชุดการคำนวณ ด้วยวิธีการสุ่มเลือก คือ 15 40 และ 69 ตำแหน่ง ตามลำดับ (ตารางที่ 4.4)

จากการคำนวณ ค่า Molecular relatedness และ เมตริกซ์ความสัมพันธ์ทาง พันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ (A^{-1}) จากทั้ง 3 ชุดการคำนวณ แสดงอยู่ในตารางที่ 4.5-4.10 ตามลำดับ

ตารางที่ 4.3 ผลการเพิ่มปริมาณเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ด้วยเทคนิคพีซีอาร์
จำนวน 90 ตำแหน่ง

รูปแบบของแถบดีเอ็นเอ	ตำแหน่ง	เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์
รูปแบบของแถบดีเอ็นเอเหมือนกัน	14	BTPm20 CUPmo18 DPm105 DPm119 DPm124 DPm146 DPm149 DPm150 DPm202 DPm209 DPm212 DPm216 DPm217 และ DPm311
รูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน	76	BTPm1 BTPm10 BTPm17 BTPm21 BTPm28 BTPm31 BTPm32 BTPm41 BTPm43 BTPm45 BTPm47 BTPm5 BTPm7 BTPm8 BTPm9 CUPmo386 DPm103 DPm108 DPm114 DPm128 DPm133 DPm138 DPm139 DPm140 DPm142 DPm151 DPm153 DPm201 DPm203 DPm204 DPm205 DPm206 DPm208 DPm210 DPm213 DPm214 DPm215 DPm218 DPm219 DPm220 DPm221 DPm223 DPm224 DPm225 DPm226 DPm227 DPm302 DPm303 DPm305 DPm306 DPm307 DPm309 DPm310 DPm312 DPm313 DPm314 DPm315 DPm316 DPm317 PmMS11AH PmMS13 PmMS14 PmMS15 PmMS16 PmMS17 PmMS19 PmMS1B PmMS2 PmMS2D2 PmMS4C4 PmMS8A2 PmMS9GG TUZX2.41 TUZX4.55 TUZX4.82 และ TUZX4.9
รวม	90	

ตารางที่ 4.4 เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ทั้ง 3 ชุดการคำนวณ

ชุดที่	ตำแหน่ง	เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์
1	15	BTPm8 BTPm31 BTPm43 BTPm47 TUZX4.55 PmMS13 DPm108 DPm128 DPm138 DPm151 DPm210 DPm220 DPm221 DPm225 และ DPm316
2	40	BTPm1 BTPm5 BTPm10 BTPm17 BTPm21 BTPm28 BTPm32 BTPm45 BTPm47, CuPmo386 TUZX4.9 PmMS2 PmMS9GG PmMS11AH PmMS15 PmMS16 PmMS17 PmMS19 DPm103 DPm114 DPm128 DPm133 DPm151 DPm201 DPm204 DPm205 DPm208 DPm210 DPm214 DPm218 DPm221 DPm223 DPm225 DPm226 DPm302 DPm305 DPm306 DPm314 DPm316 และ DPm317
3	69	BTPm1 BTPm5 BTPm7 BTPm8 BTPm9 BTPm10 BTPm17 BTPm21 BTPm28 BTPm31 BTPm32 BTPm41 BTPm43 BTPm45 BTPm47 CUPmo386 DPm103 DPm108 DPm114 DPm128 DPm133 DPm138 DPm151 DPm201 DPm203 DPm204 DPm205 DPm206 DPm208 DPm210 DPm213 DPm214 DPm215 DPm218 DPm219 DPm220 DPm221 DPm223 DPm224 DPm225 DPm226 DPm227 DPm302 DPm305 DPm306 DPm307 DPm309 DPm310 DPm312 DPm313 DPm314 DPm315 DPm316 DPm317 PmMS1B PmMS2 PmMS2D2 PmMS8A2 PmMS9GG PmMS11AH PmMS13 PmMS15 PmMS16 PmMS17 PmMS19 TUZX2.41 TUZX4.55 TUZX4.82 และ TUZX4.9

ตารางที่ 4.5 ค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์จากการคำนวณด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 ตำแหน่ง

15r	Q13	Q14	Q15	Q16	Q19	Q27	Q29	Q34	Q61	Q62	Q63	Q74
Q13	2.000											
Q14	0.429	2.000										
Q15	-0.116	-0.053	2.000									
Q16	-0.179	0.132	-0.323	2.000								
Q19	0.218	0.306	-0.571	0.595	2.000							
Q27	-1.208	-1.507	-1.417	-1.113	-1.132	2.000						
Q29	-0.377	-0.530	-1.015	-0.620	-0.319	-0.763	2.000					
Q34	-0.038	-0.429	-1.086	-0.016	-0.082	-1.214	0.225	2.000				
Q61	0.131	-0.272	-1.073	-0.617	0.073	-0.963	0.070	0.087	2.000			
Q62	-0.339	-0.513	-1.224	-0.449	-0.158	-1.258	-0.180	-0.431	-0.133	2.000		
Q63	0.213	-0.095	-0.972	-0.583	0.096	-1.441	0.143	-0.519	-0.058	0.028	2.000	
Q74	0.318	0.026	-1.016	-0.112	0.075	-1.167	-0.177	0.039	-0.115	0.094	0.639	2.000

ตารางที่ 4.6 ค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์จากการคำนวณด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 40 ตำแหน่ง

40r	Q13	Q14	Q15	Q16	Q19	Q27	Q29	Q34	Q61	Q62	Q63	Q74
Q13	2.000											
Q14	0.341	2.000										
Q15	-0.172	-0.205	2.000									
Q16	-0.501	-0.076	-0.096	2.000								
Q19	-0.167	0.158	-0.070	-0.187	2.000							
Q27	-0.900	-0.847	-0.505	-0.771	-0.767	2.000						
Q29	-0.694	-0.407	-0.758	-0.860	-0.733	-0.611	2.000					
Q34	-0.599	-0.405	-0.522	-0.597	-0.363	-0.349	0.389	2.000				
Q61	-0.274	-0.214	-0.718	-0.630	-0.400	-0.594	-0.184	-0.085	2.000			
Q62	-0.588	-0.433	-0.785	-0.509	-0.365	-0.826	-0.251	-0.260	-0.058	2.000		
Q63	-0.129	-0.175	-0.245	-0.286	-0.171	-0.667	-0.027	-0.214	-0.078	-0.151	2.000	
Q74	-0.487	-0.259	-0.604	-0.340	-0.398	-0.775	-0.298	-0.446	-0.220	0.241	0.193	2.000

ตารางที่ 4.7 ค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์จากการคำนวณด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 69 ตำแหน่ง

69r	Q13	Q14	Q15	Q16	Q19	Q27	Q29	Q34	Q61	Q62	Q63	Q74
Q13	2.000											
Q14	0.156	2.000										
Q15	-0.274	-0.035	2.000									
Q16	-0.409	-0.067	-0.123	2.000								
Q19	-0.024	0.174	-0.127	-0.050	2.000							
Q27	-0.809	-0.813	-0.658	-0.733	-0.736	2.000						
Q29	-0.540	-0.356	-0.754	-0.810	-0.509	-0.483	2.000					
Q34	-0.497	-0.373	-0.533	-0.557	-0.303	-0.534	0.163	2.000				
Q61	-0.334	-0.238	-0.672	-0.570	-0.280	-0.524	-0.189	-0.265	2.000			
Q62	-0.453	-0.432	-0.732	-0.455	-0.330	-0.650	-0.378	-0.353	-0.012	2.000		
Q63	-0.035	-0.243	-0.267	-0.523	-0.419	-0.313	-0.586	-0.196	-0.392	-0.067	2.000	
Q74	-0.335	-0.285	-0.664	-0.498	-0.408	-0.668	-0.343	-0.493	-0.245	0.186	0.276	2.000

ตารางที่ 4.8 เมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ (A^{-1}) จากเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน จำนวน 15 ตำแหน่ง

15r	Q13	Q14	Q15	Q16	Q19	Q27	Q29	Q34	Q61	Q62	Q63	Q74
Q13	0.583											
Q14	-0.115	0.509										
Q15	-0.096	-0.152	0.236									
Q16	0.038	-0.095	-0.122	0.535								
Q19	-0.054	-0.088	0.022	-0.232	0.602							
Q27	0.023	-0.017	-0.185	-0.072	0.001	0.087						
Q29	0.052	-0.016	-0.034	0.022	0.012	-0.081	0.498					
Q34	-0.070	-0.004	-0.050	-0.142	-0.013	-0.074	-0.179	0.456				
Q61	-0.086	-0.045	-0.016	0.057	-0.094	-0.088	-0.073	-0.123	0.470			
Q62	0.019	-0.023	-0.069	-0.058	-0.029	-0.102	-0.059	-0.045	-0.088	0.361		
Q63	-0.078	-0.054	-0.077	0.034	-0.094	-0.054	-0.167	0.053	-0.057	-0.112	0.546	
Q74	-0.098	-0.063	0.046	-0.070	0.013	-0.040	0.028	-0.111	0.007	-0.090	-0.240	0.598

ตารางที่ 4.9 เมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ (A^{-1}) จากเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน จำนวน 40 ตำแหน่ง

40r	Q13	Q14	Q15	Q16	Q19	Q27	Q29	Q34	Q61	Q62	Q63	Q74
Q13	0.374											
Q14	-0.170	0.500										
Q15	-0.127	-0.035	0.374									
Q16	-0.062	-0.094	-0.143	0.329								
Q19	-0.077	-0.112	-0.111	-0.090	0.411							
Q27	-0.105	-0.008	-0.145	-0.127	-0.076	0.177						
Q29	-0.060	-0.065	-0.059	-0.045	-0.011	-0.134	0.386					
Q34	-0.024	-0.009	-0.042	-0.043	-0.064	-0.100	-0.204	0.465				
Q61	-0.095	-0.048	-0.011	-0.042	-0.043	-0.098	-0.081	-0.077	0.405			
Q62	-0.062	-0.008	-0.027	-0.085	-0.080	-0.086	-0.101	-0.057	-0.108	0.394		
Q63	-0.064	0.003	-0.048	-0.038	-0.043	-0.006	-0.089	-0.012	-0.051	-0.021	0.484	
Q74	-0.047	-0.045	-0.037	-0.089	-0.037	-0.081	-0.079	-0.006	-0.053	-0.173	-0.113	0.431

ตารางที่ 4.10 เมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ (A^{-1}) จากเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 69 ตำแหน่ง

69r	Q13	Q14	Q15	Q16	Q19	Q27	Q29	Q34	Q61	Q62	Q63	Q74
Q13	0.389											
Q14	-0.114	0.476										
Q15	-0.092	-0.092	0.332									
Q16	-0.070	-0.087	-0.150	0.331								
Q19	-0.094	-0.098	-0.090	-0.102	0.439							
Q27	-0.074	-0.009	-0.136	-0.128	-0.052	0.203						
Q29	-0.071	-0.064	-0.068	-0.045	-0.033	-0.148	0.362					
Q34	-0.038	-0.023	-0.067	-0.069	-0.064	-0.089	-0.183	0.399				
Q61	-0.071	-0.054	-0.042	-0.051	-0.053	-0.104	-0.098	-0.067	0.390			
Q62	-0.045	-0.009	-0.037	-0.087	-0.057	-0.081	-0.073	-0.060	-0.120	0.406		
Q63	-0.101	-0.027	-0.079	-0.009	0.008	-0.098	0.021	-0.086	-0.008	-0.071	0.484	
Q74	-0.055	-0.045	-0.039	-0.077	-0.037	-0.073	-0.102	-0.016	-0.065	-0.151	-0.159	0.427

4.3.2 ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโต

ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตของกึ่งกุลาดำ ที่อายุ 6 เดือน จากการวิเคราะห์พันธุประวัติ ด้วยวิธี Molecular relatedness (Toro et al., 2002; 2003) พบว่า ในชุดการคำนวณที่มีการใช้ข้อมูล เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ แทนพันธุประวัติ ทั้ง 3 ชุดการคำนวณ (15 40 และ 69 ตำแหน่ง) มีค่าเท่ากับ คือ ค่าอัตราพันธุกรรมของความยาวรวมและน้ำหนักตัว เท่ากับ 0.310 ± 0.096 และ 0.290 ± 0.093 ตามลำดับ ในขณะที่ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏและค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าเท่ากับ 0.914 ± 0.012 และ 0.970 ± 0.019 ตามลำดับ ซึ่งต่างจากชุดการคำนวณที่ 4 ที่กำหนดค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์ให้ มีค่าเป็นศูนย์ โดยชุดการคำนวณที่ไม่ใช้ข้อมูลของพันธุประวัติ แสดง ค่าอัตราพันธุกรรมของความยาวรวมและน้ำหนักตัว เท่ากับ 0.511 ± 0.311 และ 0.079 ± 0.465 ตามลำดับ ในขณะที่ค่าสหสัมพันธ์ของลักษณะปรากฏและค่าสหสัมพันธ์ทางพันธุกรรมมีค่าเท่ากับ 0.457 ± 0.328 และ 0.699 ± 1.945 ตามลำดับ (ตารางที่ 4.11) และเมื่อนำค่าจาก เมตริกซ์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ (A^{-1}) ทั้ง 3 ชุดการคำนวณ มาวิเคราะห์หา ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ (Correlation coefficient) พบว่า ทั้ง 3 ชุดการคำนวณที่ใช้พันธุประวัติ มีความสัมพันธ์อย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ ($P < 0.01$) (ตารางที่ 4.12) ดังนั้นจึงเลือกการคำนวณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวรวม (TL) ของกึ่งกุลาดำ ที่อายุ 3 4 และ 5 เดือน ตามลำดับ จากการ วิเคราะห์พันธุประวัติ ด้วยวิธี Molecular relatedness โดยใช้ ข้อมูลจาก เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 ตำแหน่ง

จากการ คำนวณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวรวม (TL) ของกึ่งกุลาดำ จาก ข้อมูลพันธุประวัติ จากเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 ตำแหน่ง พบว่า ค่าอัตราพันธุกรรมของความยาวรวม ที่อายุ 3 4 และ 5 เดือน มีค่าเท่ากับ 0.496 ± 0.112 0.147 ± 0.057 และ 0.165 ± 0.062 ตามลำดับ (ตารางที่ 4.13)

ตารางที่ 4.11 ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวรวม (TL6) และน้ำหนักตัว (BW6) ของกุ้งกุลาดำ ที่อายุ 6 เดือน โดยคิดพันธุ์ประวัติด้วยวิธี Molecular relatedness จากการใช้ข้อมูลของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 40 และ 69 ตำแหน่ง เปรียบเทียบกับไม่มีพันธุ์ประวัติ ตามลำดับ

Microsatellite markers (loci)	ลักษณะ	พารามิเตอร์ทางพันธุกรรม											
		σ_p^2	±S.E.	σ_a^2	±S.E.	σ_e^2	±S.E.	h^2	±S.E.	r_{pp}	±S.E.	r_{gg}	±S.E.
15	TL6	1.827	0.255	0.565	0.255	1.261	1.261	0.310	0.096	0.914	0.012	0.970	0.019
	BW6	24.040	3.152	6.971	3.140	17.068	17.068	0.290	0.093				
40	TL6	1.827	0.255	0.565	0.255	1.261	1.261	0.310	0.096	0.914	0.012	0.970	0.019
	BW6	24.040	3.152	6.971	3.140	17.068	17.068	0.290	0.093				
69	TL6	1.827	0.255	0.565	0.255	1.261	1.261	0.310	0.096	0.914	0.012	0.970	0.019
	BW6	24.040	3.152	6.971	3.140	17.068	17.068	0.290	0.093				
Unknown	TL6	12.750	8.100	6.515	8.144	6.236	0.000	0.511	0.311	0.457	0.328	0.699	1.945
	BW6	0.099	0.050	0.008	0.049	0.091	0.000	0.079	0.465				

หมายเหตุ:

σ_p^2 = Total variance; σ_a^2 = Additive genetic variance; σ_e^2 = Residual variance

h^2 = Heritability; r_{pp} = Phenotypic correlation; r_{gg} = Genetic correlation

ตารางที่ 4.12 ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ ระหว่างค่าความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างตัวสัตว์ (A^{-1}) จากการคำนวณ ด้วยวิธี Molecular relatedness โดยใช้เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 40 และ 69 ตำแหน่ง ตามลำดับ

	15 ตำแหน่ง	40 ตำแหน่ง	69 ตำแหน่ง
15 ตำแหน่ง	1.000		
40 ตำแหน่ง	0.935**	1.000	
69 ตำแหน่ง	0.939**	0.986**	1.000

หมายเหตุ:

** ระดับความเชื่อมั่นทางสถิติที่ $P < 0.01$

ตารางที่ 4.13 ค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมของลักษณะความยาวรวม (TL) ของกิ้งกูดดำ ที่อายุ 3 4 และ 5 เดือน ตามลำดับ โดยคิดพันธุประวัติด้วยวิธี Molecular relatedness จากการใช้ข้อมูลของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 ตำแหน่ง

เดือนที่	ลักษณะ	พารามิเตอร์ทางพันธุกรรม							
		σ_p^2	\pm S.E.	σ_a^2	\pm S.E.	σ_e^2	\pm S.E.	h^2	\pm S.E.
3	TL3	1.772	0.394	0.880	0.394	0.893	0.012	0.496	0.112
4	TL4	1.343	0.092	0.198	0.090	1.145	0.019	0.147	0.057
5	TL5	1.549	0.117	0.198	0.116	1.000	0.020	0.165	0.062

หมายเหตุ:

σ_p^2 = Total variance; σ_a^2 = Additive genetic variance; σ_e^2 = Residual variance

h^2 = Heritability; r_{pp} = Phenotypic correlation; r_{GG} = Genetic correlation

4.3.3 ค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะการเจริญเติบโต

จากการประเมินความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโต ที่อายุ 6 เดือน ในประชากรกึ่งกุลด้า ภายใต้การดูแลของหน่วยกักกันโรคจากพ่อแม่พันธุ์กึ่ง มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์ พบว่า ที่อายุ 6 เดือน กึ่งกุลด้าจะมีการเจริญเติบโตเฉลี่ย (mean±S.E.) ในรูปของความยาวรวมและน้ำหนักตัว เท่ากับ 10.420 ± 0.32 เซนติเมตร และ 11.020 ± 1.16 กรัม ตามลำดับ

ประเมินความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโตในรูปความยาวรวม (EBV_TL6) และน้ำหนักตัว (EBV_BW6) ที่อายุ 6 เดือน ของกึ่งกุลด้า ด้วยวิธี BLUP analysis โดยใช้ข้อมูลความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์ (genetic relationship) จากการวิเคราะห์ข้อมูลของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 40 และ 69 ตำแหน่งตามลำดับ ด้วยวิธี Molecular relatedness พบว่า ในชุดการคำนวณที่มีการใช้ข้อมูลของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ แทนพันธุประวัติ ทั้ง 3 ชุดการคำนวณ (15 40 และ 69 ตำแหน่ง) มีค่าเท่ากัน คือ ที่อายุ 6 เดือน กึ่งกุลด้ามีค่าการผสมพันธุ์ของความยาวรวม (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 โดยมีค่าความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ เฉลี่ย เท่ากับ 0.910 ตามลำดับ (ตารางที่ 4.21) ซึ่งต่างจากชุดการคำนวณที่ 4 ที่ไม่ใช้ข้อมูลของพันธุประวัติ พบว่า ที่อายุ 6 เดือน กึ่งกุลด้ามีค่าการผสมพันธุ์ของความยาวรวม (EBV_TL6) อยู่ในช่วง -2.607 ± 2.040 ถึง 2.779 ± 2.032 โดยมีค่าความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์ เฉลี่ยเท่ากับ 0.406 (ตารางที่ 4.20) และน้ำหนักตัว (EBV_BW6) อยู่ในช่วง -0.054 ± 0.080 ถึง 0.065 ± 0.080 โดยมีค่าความแม่นยำของค่าการผสมพันธุ์เฉลี่ยเท่ากับ 0.323 ตามลำดับ (ตารางที่ 4.21)

4.3.4 การจัดลำดับความสามารถทางพันธุกรรม

จากการประเมินความสามารถทางพันธุกรรม ด้วยวิธี BLUP analysis จึงเลือกใช้ค่าการผสมพันธุ์ของ น้ำหนักตัว (EBV_BW6) ที่อายุ 6 เดือน จากการประเมินด้วยวิธี BLUP analysis โดยใช้ ข้อมูลความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์ จากการวิเคราะห์ ข้อมูลของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 ตำแหน่ง ด้วยวิธี Molecular relatedness มาทำการ เรียงลำดับ ความสามารถทางพันธุกรรมของลักษณะการเจริญเติบโต ในกึ่งกุลาดำ โดยเรียงลำดับจากครอบครัวที่มีค่าการผสมพันธุ์มากที่สุดไปยังต่ำสุด โดยสามารถแบ่งกึ่งกุลาดำ ได้เป็น 2 กลุ่ม (ตารางที่ 4.22; ภาพที่ 4.3) ดังนี้

ก. กลุ่มที่มีการเจริญเติบโตสูง

กึ่งครอบครัวที่มีค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะ น้ำหนักตัว (EBV_BW6) มีค่าเป็นบวก จำนวน 7 ครอบครัว ประกอบด้วย 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

ข. กลุ่มที่มีการเจริญเติบโตต่ำ

กึ่งครอบครัวที่มีค่าการผสมพันธุ์ของลักษณะ น้ำหนักตัว (EBV_BW6) มีค่าเป็นลบ จำนวน 5 ครอบครัว ประกอบด้วย Q15 (-1.444±1.096) Q14 (-1.605±1.101) Q29 (-2.011±1.094) Q13 (-3.253±1.099) และ Q27 (-3.271±1.086) ตามลำดับ

และเมื่อนำกึ่งทั้ง 2 กลุ่มมาวิเคราะห์หาความแตกต่างทางสถิติ พบว่ากึ่งกุลาดำมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P < 0.05$) (ตารางที่ 4.23) ดังนั้นจึงนำกึ่งทั้ง 2 กลุ่มมาใช้ในการคำนวณหาความสัมพันธ์กับเครื่องหมาย ดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ที่จำเพาะกับกึ่งในกลุ่มที่มีการเจริญเติบโตในรูปของน้ำหนักตัวสูงต่อไป

ตารางที่ 4.14 ค่าการผสมพันธุ์ของความยาวรวม (EBV_TL6) ของกึ่งกุลาดำ ที่อายุ 6 เดือน โดยคิดพันธุ์ประวัติด้วยวิธี Molecular relatedness จากการใช้ข้อมูล ของ เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 40 และ 69 ตำแหน่ง เปรียบเทียบกับไม่มีพันธุ์ประวัติ ตามลำดับ

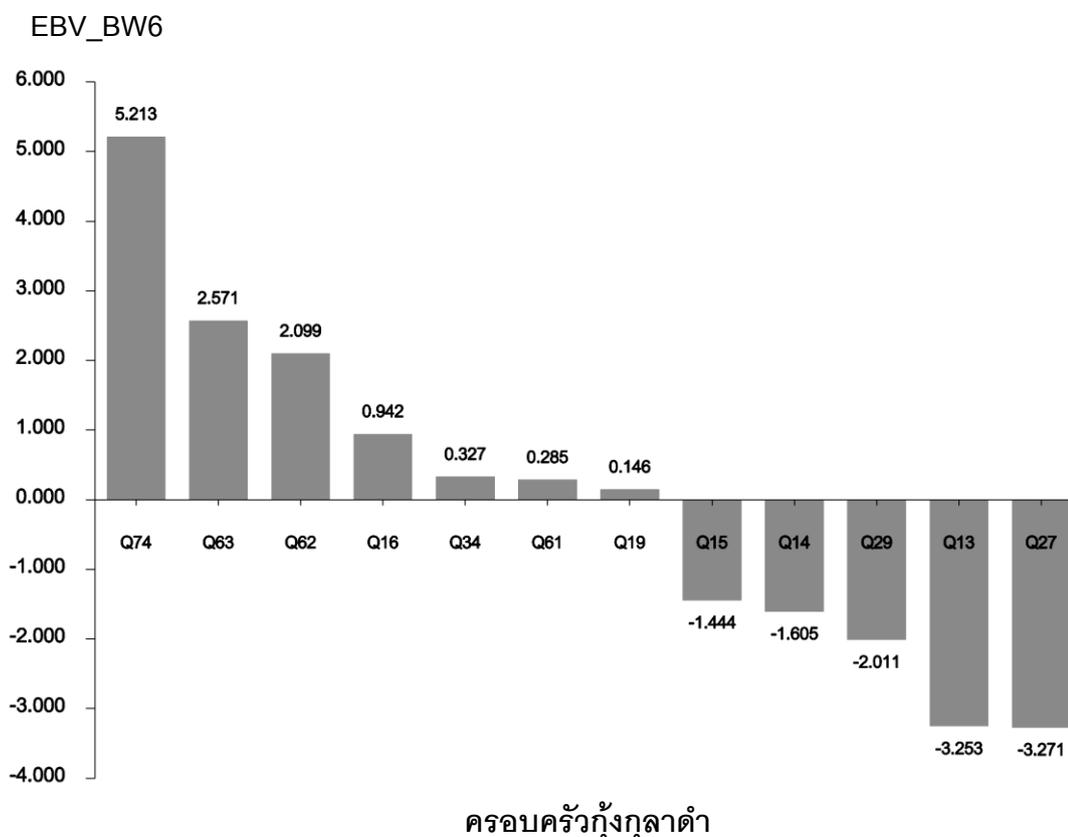
ครอบครัว	ความยาวรวม		ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์											
	(ซม.)		15r			40r			68r			Unknown		
	mean	±S.D.	EBV_TL6	±S.E.	(ACC)	EBV_TL6	±S.E.	(ACC)	EBV_TL6	±S.E.	(ACC)	EBV_TL6	±S.E.	(ACC)
Q13	11.94	1.04	-1.246	0.313	0.910	-1.246	0.313	0.910	-1.246	0.313	0.910	0.000	2.552	0.019
Q14	11.80	0.97	-0.328	0.313	0.909	-0.328	0.313	0.909	-0.328	0.313	0.909	0.106	2.186	0.516
Q15	11.77	1.25	-0.376	0.312	0.910	-0.376	0.312	0.910	-0.376	0.312	0.910	-0.106	2.186	0.516
Q16	11.38	1.08	0.414	0.315	0.908	0.414	0.315	0.908	0.414	0.315	0.908	0.000	2.552	0.019
Q19	11.21	1.24	0.160	0.312	0.910	0.160	0.312	0.910	0.160	0.312	0.910	-1.414	2.084	0.577
Q27	11.06	0.95	-0.993	0.309	0.912	-0.993	0.309	0.912	-0.993	0.309	0.912	-0.113	1.857	0.686
Q29	11.00	1.27	-0.210	0.311	0.910	-0.210	0.311	0.910	-0.210	0.311	0.910	1.526	2.060	0.590
Q34	10.84	1.26	0.105	0.310	0.911	0.105	0.310	0.911	0.105	0.310	0.911	0.000	2.552	0.019
Q61	10.28	1.01	-0.061	0.310	0.911	-0.061	0.310	0.911	-0.061	0.310	0.911	-2.607	2.040	0.601
Q62	10.09	0.97	0.493	0.311	0.911	0.493	0.311	0.911	0.493	0.311	0.911	-0.172	1.823	0.700
Q63	10.04	1.05	0.666	0.310	0.911	0.666	0.310	0.911	0.666	0.310	0.911	2.779	2.032	0.605
Q74	9.16	1.63	1.376	0.311	0.911	1.376	0.311	0.911	1.376	0.311	0.911	0.000	2.552	0.019
LS mean	10.420	0.308	0.802	0.311	0.910	0.802	0.311	0.910	0.802	0.311	0.910	0.077	2.311	0.406

ตารางที่ 4.15 ค่าการผสมพันธุ์ของน้ำนมกตัว (EBV_BW6) ที่อายุ 6 เดือน โดยคิดพันธุ์ประวัติด้วยวิธี Molecular relatedness จากการใช้ข้อมูลของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 40 และ 69 ตำแหน่ง เปรียบเทียบกับไม่มีพันธุ์ประวัติ ตามลำดับ

ครอบครัว	น้ำนมกตัว		ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของสัตว์											
	(กรัม)		15r			40r			68r			Unknown		
	mean	±S.D.	EBV_BW6	±S.E.	(ACC)	EBV_BW6	±S.E.	(ACC)	EBV_BW6	±S.E.	(ACC)	EBV_BW6	±S.E.	(ACC)
Q13	17.30	4.59	-3.253	1.099	0.909	-3.253	1.099	0.909	-3.253	1.099	0.909	0.000	0.088	0.163
Q14	16.83	5.02	-1.605	1.101	0.909	-1.605	1.101	0.909	-1.605	1.101	0.909	-0.021	0.082	0.387
Q15	16.26	3.92	-1.444	1.096	0.910	-1.444	1.096	0.910	-1.444	1.096	0.910	0.021	0.082	0.387
Q16	15.05	4.46	0.942	1.107	0.908	0.942	1.107	0.908	0.942	1.107	0.908	0.000	0.088	0.163
Q19	14.78	4.76	0.146	1.097	0.910	0.146	1.097	0.910	0.146	1.097	0.910	-0.030	0.081	0.426
Q27	12.84	4.69	-3.271	1.086	0.911	-3.271	1.086	0.911	-3.271	1.086	0.911	-0.013	0.077	0.507
Q29	12.68	3.18	-2.011	1.094	0.910	-2.011	1.094	0.910	-2.011	1.094	0.910	0.043	0.081	0.436
Q34	11.97	5.23	0.327	1.088	0.911	0.327	1.088	0.911	0.327	1.088	0.911	0.000	0.088	0.163
Q61	11.44	3.24	0.285	1.089	0.911	0.285	1.089	0.911	0.285	1.089	0.911	-0.054	0.080	0.443
Q62	9.57	3.37	2.099	1.091	0.911	2.099	1.091	0.911	2.099	1.091	0.911	-0.010	0.076	0.519
Q63	9.40	2.83	2.571	1.088	0.911	2.571	1.088	0.911	2.571	1.088	0.911	0.065	0.080	0.446
Q74	7.76	4.39	5.213	1.092	0.910	5.213	1.092	0.910	5.213	1.092	0.910	0.000	0.088	0.163
LS mean	11.020	1.082	0.848	1.093	0.910	0.848	1.093	0.910	0.848	1.093	0.910	0.000	0.101	0.323

ตารางที่ 4.16 ค่าเฉลี่ย±ความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน ของค่าการผสม พันธุ์ และค่าเฉลี่ย±ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ของลักษณะน้ำหนักรูปร่าง ที่อายุ 6 เดือน โดยคิดพันธุ์ประวัติ ด้วยวิธี Molecular relatedness จากการใช้ข้อมูลของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 15 ตำแหน่ง

ประสิทธิภาพการเจริญเติบโต	ลำดับ	ครอบครัว	ค่าเฉลี่ย±ความคลาดเคลื่อนมาตรฐาน ของค่าการผสมพันธุ์	ค่าความแม่นยำ	ค่าเฉลี่ย±ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ของลักษณะน้ำหนักรูปร่าง
กลุ่มที่มีน้ำหนักรูปร่างสูง	1	Q74	5.213±1.092	0.910	7.76±4.39
	2	Q63	2.571±1.088	0.911	9.40±2.83
	3	Q62	2.099±1.091	0.911	9.57±3.37
	4	Q16	0.942±1.107	0.908	15.05±4.46
	5	Q34	0.327±1.088	0.911	11.97±5.23
	6	Q61	0.285±1.089	0.911	11.44±3.24
	7	Q19	0.146±1.097	0.910	14.78±4.76
กลุ่มที่มีน้ำหนักรูปร่างต่ำ	1	Q15	-1.444±1.096	0.910	16.26±3.92
	2	Q14	-1.605±1.101	0.909	16.83±5.02
	3	Q29	-2.011±1.094	0.910	12.68±3.18
	4	Q13	-3.253±1.099	0.909	17.30±4.59
	5	Q27	-3.271±1.086	0.911	12.84±4.69



ภาพที่ 4.3 การกระจายตัวของค่าการผสมพันธุ์ของน้ำนมกึ่งกุลาดำ ที่อายุ 6 เดือน

ตารางที่ 4.17 การเปรียบเทียบ ความแตกต่าง ระหว่างค่าการผสมพันธุ์ของน้ำนมกึ่งกุลาดำ กลุ่มที่มีค่าการเจริญเติบโตสูงและกลุ่มที่มีค่าการเจริญเติบโตต่ำ ที่อายุ 6 เดือน

ประสิทธิภาพการเจริญเติบโต	จำนวน	ค่าเฉลี่ย±ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน
กลุ่มที่มีน้ำนมกึ่งกุลาดำสูง	7	1.655±1.83 ⁿ
กลุ่มที่มีน้ำนมกึ่งกุลาดำต่ำ	5	-2.317±0.89 ⁿ

หมายเหตุ:

ก และ ข = ความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P < 0.01$)

4.4 การตรวจสอบความสัมพันธ์ของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ที่จำเพาะกับกุ่มที่มีการเจริญเติบโตสูง

4.4.1 ความถี่ของอัลลีลของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ที่จำเพาะกับกุ่มกลุ่มที่มีการเจริญเติบโตสูง

จากการศึกษาเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่มีรูปแบบของแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างกัน จากทั้งหมด 76 ตำแหน่ง พบว่า โดยทั่วไปจะมีขนาดของแถบดีเอ็นเออยู่ในช่วง 100-500 คู่เบส (bp) และสามารถตรวจพบอัลลีลทั้งหมด จำนวน 688 อัลลีล โดยตำแหน่งที่พบ ตรวจพบจำนวนอัลลีลมากที่สุด คือเครื่องหมาย PmMS13 ซึ่งสามารถตรวจพบอัลลีล จำนวน 23 อัลลีล ในขณะที่ตำแหน่งที่สามารถตรวจพบจำนวนของอัลลีลน้อยที่สุด ซึ่งมีจำนวนตำแหน่งละ 2 อัลลีล คือ เครื่องหมาย DPm213 DPm218 DPm309 และ DPm314 ตามลำดับ (ตารางที่ 4.23)

จำนวนอัลลีลในแต่ละตำแหน่งสามารถ ตรวจพบ 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 ในขณะที่ตำแหน่งที่มีความถี่ ของอัลลีลน้อยที่สุด คือ เครื่องหมาย DPm315 (DPm315-5) ซึ่งมีความถี่ เท่ากับ 0.016 ตามลำดับ (ตารางที่ 4.23)

หลังจากตัดเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ตำแหน่งที่มีอัลลีลที่มีความถี่ต่ำกว่า 0.30 เปอร์เซนต์ ออกจากการ คำนวณในขั้นตอนต่อไป พบว่า จะเหลือ เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ทั้งหมด 45 อัลลีล จาก เครื่องหมาย ดีเอ็นเอ ไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 35 ตำแหน่ง (ตารางที่ 4.24)

ตารางที่ 4.18 ขนาด จำนวน และความถี่ของอัลลีล ในแต่ละตำแหน่งของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ที่จำเพาะกับกุ้งที่มีการเจริญเติบโตสูง

ตำแหน่ง	ขนาด (bp)	จำนวน อัลลีล	ความถี่ของอัลลีล																				Σ				
			A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	A14	A15	A16	A17	A18	A19	A20		A21	A22	A23	
BTPm1	200-300	16	0.167	0.071	0.048	0.024	0.048	0.071	0.095	0.143	0.143	0.071	0.048	0.048	0.000	0.000	0.000	0.024									1
BTPm10	200-300	6	0.130	0.261	0.261	0.174	0.130	0.043																			1
BTPm17	200-300	5	0.286	0.357	0.071	0.071	0.214																				1
BTPm21	200-300	4	0.235	0.353	0.235	0.176																					1
BTPm28	200-300	9	0.053	0.158	0.158	0.158	0.158	0.158	0.053	0.053	0.053																1
BTPm31	200-300	16	0.000	0.038	0.000	0.077	0.077	0.115	0.154	0.192	0.038	0.077	0.077	0.077	0.000	0.038	0.000	0.038									1
BTPm32	200-300	6	0.154	0.231	0.231	0.231	0.077	0.077																			1
BTPm41	200-300	4	0.143	0.286	0.429	0.143																					1
BTPm43	200-300	8	0.077	0.000	0.308	0.231	0.077	0.231	0.000	0.077																	1
BTPm45	200-300	6	0.071	0.179	0.214	0.214	0.214	0.107																			1
BTPm47	200-300	14	0.000	0.050	0.000	0.150	0.050	0.050	0.050	0.150	0.150	0.100	0.050	0.100	0.050	0.050											1
BTPm5	200-400	6	0.176	0.235	0.176	0.176	0.176	0.059																			1
BTPm7	200-400	7	0.059	0.294	0.059	0.118	0.412	0.059	0.000																		1
BTPm8	200-300	14	0.000	0.000	0.111	0.074	0.074	0.074	0.074	0.111	0.148	0.111	0.037	0.074	0.074	0.037											1
BTPm9	200-300	8	0.000	0.056	0.111	0.278	0.333	0.167	0.000	0.056																	1
CUPm3386	100-200	9	0.000	0.000	0.143	0.000	0.286	0.429	0.143	0.000	0.000																1
DPm103	400-500	8	0.000	0.150	0.300	0.300	0.150	0.000	0.100	0.000																	1
DPm108	400-500	8	0.000	0.063	0.188	0.188	0.375	0.125	0.063	0.000																	1
DPm114	500-600	3	0.500	0.214	0.286																						1
DPm128	200-300	13	0.000	0.086	0.171	0.114	0.143	0.057	0.057	0.057	0.057	0.029	0.000	0.200	0.029												1
DPm133	200-300	4	0.304	0.304	0.130	0.261																					1
DPm138	100-200	10	0.056	0.083	0.083	0.083	0.194	0.028	0.167	0.139	0.028	0.139															1
DPm139	200-500	9	0.037	0.037	0.148	0.185	0.222	0.111	0.074	0.074	0.111																1

ตารางที่ 4.18 (ต่อ)

ตำแหน่ง	ขนาด (bp)	จำนวน อัลลีล	ความถี่ของอัลลีล																				Σ		
			A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	A14	A15	A16	A17	A18	A19	A20		A21	A22
DPm140	400-500	8	0.318	0.227	0.227	0.136	0.000	0.000	0.000	0.091															1
DPm142	500-600	6	0.000	0.333	0.583	0.083	0.000	0.000																	1
DPm151	200-300	16	0.000	0.081	0.108	0.081	0.081	0.108	0.081	0.027	0.027	0.054	0.054	0.108	0.081	0.054	0.027	0.027							1
DPm153	300-400	7	0.091	0.182	0.273	0.364	0.091	0.000	0.000																1
DPm201	300-400	4	0.583	0.167	0.167	0.083																			1
DPm203	100-300	7	0.226	0.065	0.097	0.226	0.161	0.226	0.000																1
DPm204	200-300	3	0.778	0.111	0.111																				1
DPm205	200-300	4	0.538	0.000	0.308	0.154																			1
DPm206	100-300	6	0.333	0.167	0.056	0.111	0.222	0.111																	1
DPm208	200-400	11	0.000	0.133	0.133	0.200	0.067	0.133	0.067	0.067	0.067	0.067	0.067												1
DPm210	300-500	6	0.083	0.250	0.292	0.208	0.083	0.083																	1
DPm213	200-300	2	0.538	0.462																					1
DPm214	200-300	5	0.211	0.105	0.316	0.263	0.105																		1
DPm215	300-500	11	0.000	0.188	0.063	0.000	0.125	0.063	0.250	0.063	0.250	0.000	0.000												1
DPm218	400-500	2	0.778	0.222																					1
DPm219	200-300	5	0.500	0.071	0.214	0.143	0.071																		1
DPm220	200-300	11	0.118	0.000	0.000	0.059	0.059	0.059	0.176	0.118	0.176	0.000	0.235												1
DPm221	200-400	13	0.000	0.152	0.087	0.065	0.130	0.065	0.000	0.043	0.130	0.043	0.087	0.043	0.152										1
DPm223	100-200	6	0.250	0.250	0.250	0.250	0.000																		1
DPm224	400-500	4	0.000	0.300	0.100	0.600																			1
DPm225	100-300	11	0.091	0.045	0.000	0.136	0.000	0.045	0.091	0.273	0.136	0.091	0.091												1
DPm226	300-400	9	0.113	0.113	0.113	0.097	0.113	0.113	0.113	0.113	0.000	0.113													1
DPm227	200-400	10	0.021	0.149	0.149	0.021	0.021	0.149	0.085	0.128	0.149	0.128													1

ตารางที่ 4.18 (ต่อ)

ตำแหน่ง	ขนาด (bp)	จำนวน อัลลีล	ความถี่ของอัลลีล																				Σ			
			A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	A14	A15	A16	A17	A18	A19	A20		A21	A22	A23
PmMS4C4	200-300	12	0.000	0.133	0.133	0.133	0.000	0.067	0.067	0.200	0.000	0.133	0.133	0.000												1
PmMS8A2	200-400	13	0.059	0.000	0.000	0.059	0.176	0.059	0.176	0.118	0.118	0.118	0.059	0.000	0.059											1
PmMS9GG	200-300	11	0.080	0.080	0.080	0.120	0.080	0.080	0.080	0.160	0.160	0.080	0.000													1
TUZX2.41	100-200	4	0.083	0.417	0.167	0.333																				1
TUZX4.55	100-200	8	0.029	0.200	0.200	0.171	0.171	0.143	0.057	0.029																1
TUZX4.82	100-200	7	0.000	0.056	0.056	0.111	0.333	0.333	0.111																	1
TUZX4.9	200-300	7	0.000	0.067	0.400	0.333	0.133	0.000	0.067																	1
รวม		688																								76
ค่าเฉลี่ย		9.05±4.62																								

หมายเหตุ:

เป็นความถี่ของอัลลีลที่จำเพาะกับกุ้งที่มีการเจริญเติบโตสูงเท่านั้น

ตารางที่ 4.19 จำนวนของอัลลีลที่มีความถี่มากกว่า 0.30 เปอร์เซ็นต์ ของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ที่จำเพาะกับกุ้งที่มีการเจริญเติบโตสูง

ลำดับ	ตำแหน่ง	ขนาด (bp)	จำนวน อัลลีล	ความถี่ของอัลลีล							
				A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	
1	BTPm17	200-300	1		0.357						
2	BTPm21	200-300	1		0.353						
3	BTPm41	200-300	1			0.429					
4	BTPm43	200-300	1			0.308					
5	BTPm7	200-400	1					0.412			
6	BTPm9	200-300	1					0.333			
7	CUPmo386	100-200	1							0.429	
8	DPm103	400-500	2			0.300	0.300				
9	DPm108	400-500	1					0.375			
10	DPm114	500-600	1	0.500							
11	DPm133	200-300	2	0.304	0.304						
12	DPm140	400-500	1	0.318							
13	DPm142	500-600	2		0.333	0.583					
14	DPm153	300-400	1				0.364				
15	DPm201	300-400	1	0.583							
16	DPm204	200-300	1	0.778							
17	DPm205	200-300	2	0.538		0.308					
18	DPm206	100-300	1	0.333							
19	DPm213	200-300	2	0.538	0.462						
20	DPm214	200-300	1			0.316					
21	DPm218	400-500	1	0.778							
22	DPm219	200-300	1	0.500							
23	DPm224	400-500	2		0.300		0.600				
24	DPm303	300-400	1	0.500							
25	DPm306	300-400	2		0.353	0.353					
26	DPm309	300-400	2	0.364	0.636						
27	DPm312	100-300	1	0.438							
28	DPm313	500-600	1				0.333				
29	DPm314	200-300	1	0.778							
30	PmMS14	100-200	1								0.300
31	PmMS2	100-200	1					0.308			
32	TUZX2.41	100-200	2		0.417		0.333				
33	TUZX4.55	100-200	0								
34	TUZX4.82	100-200	2					0.333	0.333		
35	TUZX4.9	200-300	2			0.400	0.333				
รวม			45								
ค่าเฉลี่ย			1.286±0.519								

4.4.2 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างรูปแบบ อัลลีลของเครื่องหมายดีเอ็นเอ ไมโครแซทเทลไลท์กับลักษณะการเจริญเติบโต

จากวิเคราะห์อิทธิพล ของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ด้วยวิธี Logistic Regression Analysis พบว่า มีอัลลีลที่มีความสัมพันธ์กับลักษณะการเจริญเติบโตดีของกึ่งกุลาดำ ในรูปของค่าการผสมพันธุ์ของน้ำหนักรักตัว ที่อายุ 6 เดือน จำนวน 7 อัลลีล ซึ่งแสดงความสัมพันธ์ กับลักษณะการเจริญเติบโตอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($P < 0.05$) จากเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ จำนวน 5 ตำแหน่ง โดยมีค่า % Predicted Correct ระหว่าง 75.0-91.7 เปอร์เซ็นต์ (ตารางที่ 4.25) ซึ่งตำแหน่งที่มีค่าความแม่นยำสูงที่สุด คือ DPm142-3 และ DPm103-5 โดยมีค่า Predicted correct ถึง 91.7 เปอร์เซ็นต์ ในขณะที่ตำแหน่งที่มีค่าความแม่นยำต่ำ สุด คือ PmMS2-4 โดยมีค่า % Predicted correct เท่ากับ 75.0 เปอร์เซ็นต์

ตารางที่ 4.20 สรุปข้อมูลของเครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์ ที่มีความสัมพันธ์กับ กึ่งที่มี การเจริญเติบโตสูง

ลำดับ	ตำแหน่ง	จำนวนอัลลีล	อัลลีลที่แสดงความสัมพันธ์กับกึ่งกลุ่มที่มีการเจริญเติบโตสูง					
			A1	A2	A3	A4	A5	A6
1	DPm103	2				83.3% (0.018)	91.7% (0.005)	
2	DPm142	2			91.7% (0.006)			83.3% (0.009)
3	DPm206	1			83.3% (0.009)			
4	DPm313	1	83.3% (0.018)					
5	PmMS2	1				75.0% (0.017)		
รวม		7						

*ระดับความเชื่อมั่นทางสถิติที่ $P < 0.05$

หมายเหตุ:

% Predicted Correct = ความน่าจะเป็น สำหรับ การทำนาย ถูกต้อง ในการพบอัลลีลของ เครื่องหมายดีเอ็นเอไมโครแซทเทลไลท์