

การประเมินสมรรถภาพการเจริญเติบโตในกุ้งกุลาดำที่ผสมตามธรรมชาติจากข้อมูลความสัมพันธ์ทางโมเลกุล

Evaluation of Growth Performance in Black Tiger Shrimp (*Penaeus monodon*) from Natural Mating with Molecular Relatedness

โอปอล์ สีวะสุธรรม¹, สุวิทย์ วุฒิสุทธิเมธาวิ^{2,3*}, สถาพร ดิเรกบุษราคัม^{2,3} และ ปิยะพงศ์ โชติพันธ์^{2,3}
Opor Siwasutham¹, Suwit Wuthisuthimethavee^{2,3*}, Sataporn Direkbusarakom^{2,3} and Piyapong Chotipuntu^{2,3}

¹คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลศรีวิชัย (ทุ่งใหญ่) นครศรีธรรมราช 80240; ²สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร;

³หน่วยวิจัยกุ้ง สำนักวิชาเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์ นครศรีธรรมราช 80160

¹Faculty of Veterinary Science, Rajamangala University of Technology Srivijaya (ThungYai), Nakhon Si Thammarat 80240;

²School of Agricultural Technology; ³Shrimp Research Unit, School of Agricultural Technology, Walailak University, Nakhon Si Thammarat 80160

*Corresponding author: wsuwit@wu.ac.th

บทคัดย่อ

การพัฒนาโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์สามารถเพิ่มมูลค่าทางเศรษฐกิจต่ออุตสาหกรรมเพาะเลี้ยงกุ้ง การใช้พ่อแม่พันธุ์ กุ้งจากการธรรมชาติก่อให้เกิดปัญหาการขาดหายของข้อมูลพันธุ์ประวัติ (pedigree information) ในการประเมินประสิทธิภาพทาง พันธุกรรมจากข้อมูลที่ได้ในโรงเพาะฟัก ซึ่งนอกจากข้อมูลพันธุ์ประวัติแล้ว เครื่องหมายโมเลกุลสามารถนำมาใช้ในการประมาณค่า ความสัมพันธ์ทางเครือญาติได้เช่นกัน โดยวิธี relatedness estimators (alias kinship estimators) การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์ เพื่อหาวิธีการที่เหมาะสมในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี relatedness estimators (molecular relatedness) จากประชากรที่ไม่ทราบพันธุ์ประวัติ (unknown pedigree) โดยใช้ข้อมูลการเจริญเติบโตในรูปของความยาวรวม ที่อายุ 6 เดือน (total length, TL6) ของประชากรกุ้งกุลาดำ (*Penaeus monodon*) ที่ได้จากการผสมแบบธรรมชาติ จำนวน 32 ครอบครัว ภายใต้การดูแล ของหน่วยกักกันโรคจากพ่อแม่พันธุ์กุ้ง (Shrimp Quarantine Center; SQC) มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์ จังหวัดนครศรีธรรมราช โดยเริ่มจากวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรม (genetic relationships) ของลูกกุ้งที่ได้จากการผสมในแต่ละครอบครัว จำนวน 3,200 ตัว มาวิเคราะห์ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ microsatellite จำนวน 7 ตำแหน่ง (BTPm8, BTPm47, CUPmo2, CUPmo15, DPm109, DPm110 and DPm313) เพื่อใช้แทนพันธุ์ประวัติ ในการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรม ได้แก่ ค่าอัตราพันธุกรรม (heritability, h^2) และค่าการผสมพันธุ์ (Estimated Breeding Value, EBV) ด้วย BLUP analysis โดยวิธี Restricted Maximum Likelihood (REML) จากการประมาณค่าพารามิเตอร์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี molecular relatedness โดยใช้ค่าความสัมพันธ์ทาง พันธุกรรมจากข้อมูลการวิเคราะห์ด้วยเครื่องหมายดีเอ็นเอ microsatellite จำนวน 7 ตำแหน่ง พบว่าอัตราพันธุกรรมของความยาวรวมที่ อายุ 6 เดือน มีค่าเท่ากับ 0.28 ± 0.16 และค่าการผสมพันธุ์จะอยู่ในช่วง $-2.43E+00$ ถึง $7.58E+00$ ซึ่งค่าที่ได้มีความแม่นยำและ สามารถนำไปใช้ในการคัดเลือกพันธุ์กุ้งที่ไม่ทราบพันธุ์ประวัติในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ได้

ABSTRACT

The development and application of selective breeding program have been becoming an increasingly important strategy for increasing the economic efficiency of shrimp industry. Reliance on wild populations can impact on the overall hatcheries with unknown pedigree to measuring genetic performance. Besides pedigree, also molecular markers can be used to estimate kinship by relatedness estimators (alias kinship estimators). In this study, we test suitability of estimating genetic parameters in unknown pedigree populations with relatedness estimators (molecular relatedness) method. Growth data in terms of total length at 6 months of age (TL6) collected from 32 families of black tiger shrimp (*Penaeus monodon*) with natural mating were maintained at Shrimp Quarantine Center at Walailak University in Nakhon Si Thammarat. Starting from genetic relationships of 3,200 randomized offsprings generated from 7 microsatellite loci (BTPm8, BTPm47, CUPmo2, CUPmo15, DPm109, DPm110 and DPm313) as pedigree information before offered to BLUP analysis of genetic parameters including of heritability (h^2) and estimated breeding value (EBV) using the Restricted Maximum Likelihood procedure (REML). Genetic parameters were then estimated using molecular relatedness with the genetic relationship generated from 7 microsatellite loci. The results showed that h^2 for TL6 were 0.28 ± 0.16 and the EBV for TL6 ranged from $-2.43E+00$ to $7.58E+00$. Results show that accuracies of genetic parameters obtained with molecular relatedness are comparable. Thus, the selective breeding can be started at beginning of breeding program without any pedigree.

คำสำคัญ: สมรรถภาพการเจริญเติบโต, *Penaeus monodon*, การผสมตามธรรมชาติ, ความสัมพันธ์ทางโมเลกุล

Keywords: growth performance, *Penaeus monodon*, natural mating, molecular relatedness