ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรกุ้งก้ามกรามจากโรงเพาะฟักและธรรมชาติ

Genetic diversity of hatchery and natural populations of freshwater prawn, *Macrobrachium rosenbergii*

กัณฑรีย์ เจริญทวี[1], สุภาวดี พุ่มพวง[2], อุทัยรัตน์ ณ นคร[3] และ สุริยัน ธัญกิจจานุกิจ[4]

[1]**ศูนย์เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตกำแพงแสน นครปฐม** 73140

[2,3]**ภาควิชาเพาะเลี้ยงสัตว์น้ำ คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตบางเขน กรุงเทพฯ** 10900

[4]**ภาควิชาวิทยาศาสตร์ทางทะเล คณะประมง มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตบางเขน กรุงเทพฯ** 10900

บทคัดย่อ

ปัญหาสำคัญในการพัฒนาการเลี้ยงกุ้งก้ามกรามของประเทศเพื่อการส่งออกประการหนึ่งคือผลผลิตต่ำ ซึ่งเกษตรกรเข้าใจว่าเกิดจากความเสื่อมทางพันธุกรรมของสายพันธุ์ที่ใช้เลี้ยงที่มีต้นกำเนิดจากแม่น้ำเจ้าพระยาและผ่านการปรับตัวในสภาพบ่อเลี้ยงมานานกว่า 30 ปี งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินความหลายหลายทางพันธุกรรมของกุ้งก้ามกรามจากโรงเพาะฟัก 2 แห่ง ในจังหวัดนครปฐม (รวมโชคฟาร์มและลมโชยฟาร์ม) เปรียบเทียบกับประชากรธรรมชาติ 2 ประชากร จากแม่น้ำเจ้าพระยา จังหวัดพระนครศรีอยุธยา และแม่น้ำกระบุรี จังหวัดระนอง โดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์ 5 ตำแหน่ง ผลการศึกษาพบว่าทุกประชากรมีความแตกต่างทางพันธุกรรมอย่างมีนัยสำคัญโดยมีค่า F_{ST} = 0.036 และทุกประชากรมีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูงและไม่แตกต่างกัน โดยมีค่าเฉลี่ยอัลลิลที่พบต่อตำแหน่ง 7.50-8.80 และค่าเฉลี่ยสังเกตเฮทเทอโรไซโกซิตีมีค่าระหว่าง 0.54-0.77 ผลการศึกษาชี้ว่าปัญหาผลผลิตต่ำของกุ้งก้ามกรามน่าจะมาจากสาเหตุอื่นที่ไม่ใช่พันธุกรรม

Abstract

The potential problem to development of prawn farming in central Thailand into large scale industry for export market is low productivity. Prawn farmers have suggested that deteriorating of genetic variation in domesticated strain of hatchery populations may be the factor of low production. Domestication of local strains originated from the ChaoPhaya River has been established 30 years ago. We assessed genetic diversity of hatchery stocks (Roumchoke Farm and Lomchoy Farm, NakonPrathom province) and natural stocks (the ChaoPhaya River Ayuthaya Province and the Kraburi River in Ranong Province) using five microsatellite loci. Pair-wise comparisons using Fisher exact tests and F_{ST} value (0.036) revealed significant genetic differentiation across all populations. Relatively high levels of polymorphism were observed across all populations with an average of 7.50 to 8.80 alleles per locus and average observed

heterozygosity at all loci of 0.54 to 0.77. Results indicated that other factors rather than genetic diversity may cause low levels of prawn production.

คำนำ

กุ้งก้ามกรามจัดเป็นสัตว์น้ำที่มีความสำคัญทางเศรษฐกิจของประเทศไทย ทั้งเพื่อการส่งออก และการบริโภคภายในประเทศ จากสถิติของกรมประมงรายงานว่าผลผลิตของกุ้งก้ามกรามในปี 2547 มีปริมาณ 32,500 ตัน คิดเป็นมูลค่าประมาณ 38,000 ล้านบาท โดย 80% ของผลผลิตทั้งหมดมาจากแหล่งเลี้ยงในจังหวัดนครปฐม สุพรรณบุรี และราชบุรี แม้ว่าผลผลิตรวมของกุ้งก้ามกรามมีปริมาณเพิ่มมากขึ้นทุกปี แต่ผลผลิตต่อไร่ต่ำและมีปัญหากุ้งโตช้า ซึ่งเกษตรกรเข้าใจว่าเป็นผลจากการผสมเลือดชิดของสายพันธุ์ที่ใช้เลี้ยง ทำให้เกิดความเสื่อมของพันธุกรรม ทั้งที่อาจเกิดจากสาเหตุอื่น เช่น การคัดพันธุ์ทางอ้อมมีผลให้กุ้งเจริญพันธุ์เร็ว ความเสื่อมโทรมของบ่อเลี้ยงและการจัดการในการเลี้ยง ซึ่งปัญหาเหล่านี้ยังขาดการรวบรวมข้อมูลและวิเคราะห์อย่างเป็นระบบ การวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาปัญหาที่อาจเกิดจากพันธุกรรม โดยใช้ไมโครแซทเทลไลท์ดีเอ็นเอ 5 ตำแหน่งประเมินความหลากหลายทางพันธุกรรมของกุ้งก้ามกรามจากโรงเพาะฟักซึ่งเป็นสายพันธุ์พื้นเมือง 2 ประชากร และจากธรรมชาติ 2 ประชากร

ไมโครแซทเทลไลท์เป็นเครื่องหมายดีเอ็นเอที่มีความหลากหลายสูง มีการแสดงผลแบบลักษณะข่มร่วม พบกระจายอยู่ทั่วจีโนม ด้วยลักษณะเหล่านี้ จึงมีการนำไมโครแซทเทลไลท์มาใช้อย่างแพร่หลายในการศึกษาพันธุศาสตร์ประชากรสัตว์น้ำ การปรับปรุงพันธุ์สัตว์น้ำและการจัดการพ่อแม่พันธุ์ ข้อมูลความหลากหลายทางพันธุกรรมของกุ้งก้ามกรามในประเทศไทยมีน้อยมาก ก่อนหน้านี้ ศรีรัตน์ และพนม (2541) ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของกุ้งก้ามกรามจากธรรมชาติ 3 แหล่งน้ำ ในจังหวัดฉะเชิงเทรา สุราษฎร์ธานี และสงขลา โดยการวิเคราะห์ไอโซไซม์ 24 ตำแหน่ง แต่ไม่สามารถแยกความแตกต่างทางพันธุกรรมของกุ้งทั้ง 3 ประชากร

อุปกรณ์และวิธีการ

1. การเก็บตัวอย่างและการสกัดดีเอ็นเอกุ้งก้ามกราม

เก็บตัวอย่างกุ้งก้ามกรามจากโรงเพาะฟัก 2 แห่ง คือรวมโชคฟาร์ม (Hat 1) อ.กำแพงแสน จ.นครปฐม 50 ตัวอย่าง และลมโชยฟาร์ม (Hat 2) อ.ดอนเจดีย์ จ.สุพรรณบุรี 46 ตัวอย่าง จากธรรมชาติ 2 ประชากร คือ แม่น้ำเจ้าพระยา (Nat 1) จ.พระนครศรีอยุธยา 36 ตัวอย่าง และแม่น้ำกระบุรี (Nat 2) จ.ระนอง จำนวน 28 ตัวอย่าง สกัดดีเอ็นเอจากขาว่ายน้ำโดยวิธี Proteinase K/Phenol-Chloroform ดัดแปลงจากวิธีของ Taggart *et al.* (1992)

2. การวิเคราะห์ไมโครแซทเทลไลท์

ใช้ไพรเมอร์จำนวน 5 คู่ (*Mbr*-1, *Mbr*-2, *Mbr*-7, *Mbr*-8 และ *Mbr*-10 ที่มี accession number ดังนี้ DQ019863, DQ019864, DQ019869, DQ019870 และ DQ019871) เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอในตัวอย่างกุ้งทั้งหมด โดยทำตามวิธีของ Charoentawee *et al.* (2006)

3. การวิเคราะห์ข้อมูล

3.1 ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร

ใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ GENEPOP v. 3.3 (Raymond and Rousset, 1995) คำนวณค่าเฉลี่ยจำนวนอัลลิลต่อตำแหน่ง และค่าเฉลี่ยเฮทเทอโรไซโกซิตี คำนวณค่า Allelic richness (A_r) ซึ่งเป็นค่าเฉลี่ยจำนวนอัลลิลต่อตำแหน่งที่มีการปรับค่าด้วยจำนวนตัวอย่างกุ้งที่น้อยที่สุดในประชากร โดยใช้โปรแกรม FSTAT v. 2.9.3.2 (Goudet, 2001) ทดสอบความแตกต่างของ Allelic richness และค่าเฉลี่ยเฮทเทอโรไซโกซิตีด้วย *t*-test (Archie 1985) ทดสอบการเบี่ยงเบนจากสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก และ linkage disequilibrium โดยใช้โปรแกรม GENEPOP version 3.3

3.2 ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร

ใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ GENEPOP v. 3.3 ทดสอบความแตกต่างของความถี่อัลลิลระหว่างประชากร โดยเปรียบเทียบแต่ละคู่ประชากร และคำนวณค่าสัมประสิทธิ์-*F* คือ F_{st}, F_{is} และ F_{it} ทดสอบระดับนัยสำคัญโดยใช้โปรแกรม FSTAT v. 2.9.3. เพื่อศึกษาว่าประชากรมีการแบ่งแยกออกเป็นประชากรย่อยหรือไม่ คำนวณระยะห่างทางพันธุกรรมของคู่ประชากรตามวิธีของ Nei (1978) และจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี Multidimensional scaling (MDS) โดยใช้โปรแกรม TFPGA version 1.3 (Miller 1997)

ผลการทดลอง

ความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากรโรงเพาะฟักและธรรมชาติอยู่ในระดับค่อนข้างสูงและไม่มีความแตกต่างกันทางสถิติ (ตารางที่ 1) ค่าเฉลี่ยอัลลิลที่พบต่อตำแหน่ง (n_a) เท่ากับ 7.5-8.8 ค่าเฉลี่ย Allelic richness (A_r) มีค่าระหว่าง 6.99-7.87 และค่าเฉลี่ยเฮทเทอโรไซโกซิตีของประชากรมีค่าระหว่าง 0.54-0.77 ส่วน F_{is} มีค่าบวกทุกประชากรแสดงว่ามีจำนวนโฮโมไซโกตมากกว่าที่ควรจะเป็น

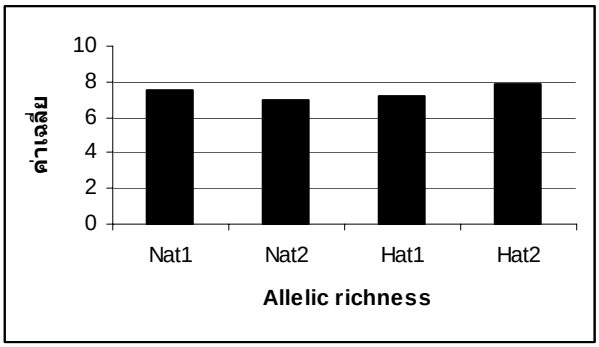
การทดสอบการเบี่ยงเบนจากสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กและปรับความน่าจะเป็นด้วย Bonferroni correction พบว่าทั้ง 4 ประชากรเบี่ยงเบนจากสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก ที่ตำแหน่ง *Mbr-1* และ *Mbr-2* (ตารางที่ 2) สาเหตุทั่วไปของการเบี่ยงเบนจากสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กเกิดจาก null allele และ การปะปนของประชากร แต่จากการตรวจสอบไม่พบ null allele ที่ไมโครแซทเทลไลท์ทั้งสองตำแหน่ง การเบี่ยงเบนอาจเกิดจากจำนวนตัวอย่างที่ศึกษาไม่ครอบคลุมจีโนไทพ์ที่เป็นไปได้ทั้งหมด ทั้งนี้ *Mbr-1* และ *Mbr-2* มีจำนวนอัลลิลเท่ากับ 10 และ 13 อัลลิล และจำนวนจีโนไทพ์ที่เป็นไปได้เท่ากับ 55 และ 91 แบบตามลำดับ

ตารางที่ 1 ค่าแสดงความหลากหลายทางพันธุกรรมในกุ้งก้ามกราม ได้แก่ จำนวนอัลลิล (n_a), Allelic richness (A_r), ค่าสังเกตและค่าคาดหวังเฮตเทอโรไซโกซิตี (H_o และ H_e) และค่า fixation index (F_{is})

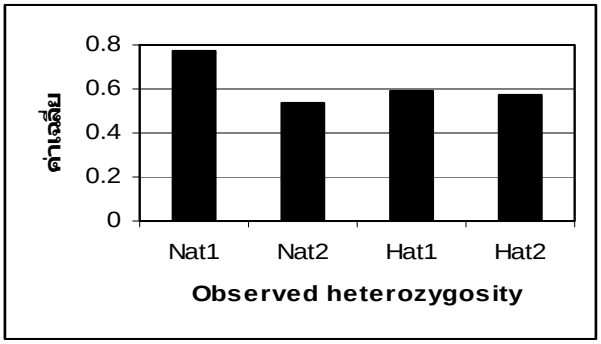
ประชากร	ตำแหน่ง					ค่าเฉลี่ย
	Mbr-1	*Mbr-2*	*Mbr-7*	*Mbr-8*	*Mbr-10*	
แม่น้ำเจ้าพระยา (Nat 1)						
n_a	9	11	4	6	9	7.80±2.77
A_r	8.75	10.62	3.75	5.69	8.60	7.48±2.73
H_o	0.67	0.57	0.28	0.5	0.83	0.77±0.21
H_e	0.86	0.84	0.34	0.5	0.8	0.87±0.24
F_{is}	0.22	0.32	0.18	0.00	-0.04	0.149
แม่น้ำกระบุรี (Nat 2)						
n_a	10	11	4	6	4	7.00±3.32
A_r	10	11	3.964	5.998	3.964	6.99±3.33
H_o	0.74	0.67	0.25	0.54	0.5	0.54±0.19
H_e	0.88	0.89	0.23	0.63	0.48	0.62±0.28
F_{is}	0.16	0.25	-0.09	0.14	-0.04	0.129
รวมโชคฟาร์ม (Hat 1) จ.นครปฐม						
n_a	8	11	6	6	9	8.00±2.12
A_r	7.98	9.98	4.87	4.99	7.88	7.14±2.18
H_o	0.53	0.6	0.56	0.48	0.8	0.59±0.12
H_e	0.85	0.74	0.54	0.42	0.69	0.65±0.17
F_{is}	0.38	0.19	-0.04	-0.14	-0.16	0.092
ลมโชยฟาร์ม (Hat 2) จ.สุพรรณบุรี						
n_a	10	12	6	5	11	8.80±3.11
A_r	9.55	10.14	5.49	4.35	9.83	7.87±2.73
H_o	0.59	0.58	0.46	0.46	0.76	0.57±0.12
H_e	0.88	0.74	0.52	0.45	0.74	0.67±0.18
F_{is}	0.33	0.22	0.12	-0.02	-0.03	0.149

ผลการทดสอบ Linkage disequilibrium ระหว่างคู่ตำแหน่งในแต่ละประชากร และปรับความน่าจะเป็นด้วย Bonferroni correction พบ linkage ระหว่างคู่ตำแหน่งจาก 2 ใน 40 การทดสอบคือ ระหว่างคู่ *Mbr-1*

กับ *Mbr-2* ในประชากรรวมโชคฟาร์ม (Hat1) และ *Mbr-1* กับ *Mbr-7* ในประชากรแม่น้ำเจ้าพระยา (Nat1) ซึ่งเมื่อทดสอบรวมทุกคู่ตำแหน่งในทุกประชากรแล้วพบว่าไม่มี linkage ระหว่างคู่ตำแหน่งของประชากรทั้งหมด (ตารางที่ 3) แสดงว่าไม่มีการปะปนกันของประชากร



ภาพที่ 1 ค่า allelic richness ทั้ง 4 ประชากรไม่มีความแตกต่างทางสถิติ



ภาพที่ 2 ค่าเฉลี่ยสังเกตเฮตเทอโรไซโกซิตี ทั้ง 4 ประชากรไม่มีความแตกต่างทางสถิติ

ตารางที่ 2 การทดสอบการเบี่ยงเบนจากสมดุลของฮาร์ดี-ไวน์เบิร์ก

ประชากร	p-value					ทุกตำแหน่ง Fisher's Method
	Mbr-1	*Mbr-2*	*Mbr-7*	*Mbr-8*	*Mbr-10*	
Nat1	0.005*	0.007*	0.173	0.378	0.599	0.0025*
Nat2	0.017	0.000*	1.000	0.021	1.000	0.0003*
Hat1	0.000*	0.000*	0.523	0.277	0.099	<0.0001*
Hat2	0.000*	0.001	0.272	0.814	0.906	<0.001*

Bonferroni correction $p < 0.01(0.05/5)$

ในการทดสอบความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากรและปรับความน่าจะเป็นด้วย Bonferroni correction ($p<0.01$) พบว่าความแตกต่างในแต่ละคู่ประชากรมีค่าเกิน 60% ยกเว้นคู่ประชากรรวมโชคฟาร์ม (Hat 1) และลมโชยฟาร์ม (Hat 2) แตกต่างกัน 2 ใน 5 การทดสอบ (40%) และเมื่อทดสอบรวมทุกตำแหน่ง พบว่าทุกคู่ประชากรมีความแตกต่างกันทางสถิติ (ตารางที่ 4)

ตารางที่ 3 การทดสอบ linkage disequilibrium

ตำแหน่ง	Nat 1	Nat 2	Hat 1	Hat 2	ทุกประชากร
Mbr1-Mbr2	1.000	1.000	0.001*	0.882	0.076
Mbr1-Mbr7	0.000*	0.928	0.083	0.384	0.002
Mbr2-Mbr7	0.441	0.623	0.037	0.324	0.178
Mbr1-Mbr8	0.480	0.039	0.070	0.553	0.071
Mbr2-Mbr8	0.447	0.932	0.219	0.825	0.739
Mbr7-Mbr8	0.026	0.859	0.091	0.233	0.053
Mbr1-Mbr10	0.173	0.183	0.086	0.767	0.137
Mbr2-Mbr10	0.300	0.241	0.007	0.108	0.012
Mbr7-Mbr10	0.338	0.388	0.396	0.847	0.619
Mbr8-Mbr10	0.340	0.574	0.057	0.899	0.324

Bonferroni correction $p < 0.005$ (0.05/10)

ตารางที่ 4 การทดสอบความแตกต่างระหว่างประชากร

คู่ประชากร	*p*-value					ทุกตำแหน่ง
	Mbr1	*Mbr2*	*Mbr7*	*Mbr8*	*Mbr10*	(Fisher's method)
Nat1-Nat2	0.6766	0.0001	0.0026	0.0532	0.0000	<0.0001
Nat1-Hat1	0.0041	0.0017	0.0092	0.0073	0.0172	<0.0001
Nat1-Hat2	0.0468	0.0029	0.3677	0.0004	0.0001	<0.0001
Nat2-Hat1	0.0067	0.0000	0.0000	0.0273	0.0001	<0.0001
Nat2-Hat2	0.1424	0.0000	0.0005	0.0394	0.0000	<0.0001
Hat1-Hat2	0.0000	0.2934	0.0158	0.0207	0.0096	<0.0001

Bonferroni correction $p < 0.01$

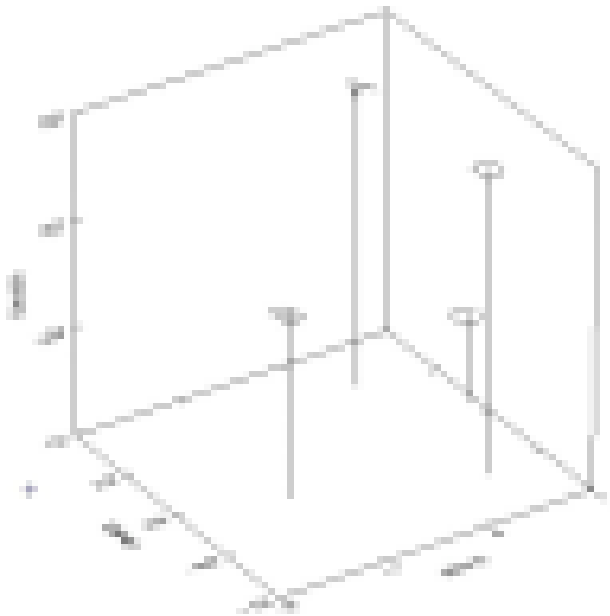
ระยะห่างทางพันธุกรรมมีค่าระหว่าง 0.0118-0.0445 (ตารางที่ 5) ประชากรจากแม่น้ำกระบุรี (Nat 2) และรวมโชคฟาร์ม (Hat 1) มีความแตกต่างกันมากที่สุด จากภาพความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยวิธี MDS (ภาพที่ 3) แบ่งกุ้งก้ามกรามได้ 2 กลุ่ม คือ รวมโชคฟาร์ม (Hat 1) ลมโชยฟาร์ม (Hat 2) และแม่น้ำเจ้าพระยา (Nat 1) จัดเป็นกลุ่มที่ 1 และ แม่น้ำกระบุรี (Nat 2) จัดเป็นกลุ่มที่ 2 นอกจากนี้ลักษณะโครงสร้างประชากรมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยประมาณค่าจากระดับความเชื่อมั่น 95% ของ F_{st} ซึ่งมีค่าระหว่าง 0.0216 - 0.0478 โดยมีค่าเฉลี่ย F_{st} เท่ากับ +0.0361 (ตารางที่ 6)

ตารางที่ 5 ค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (Nei' s genetic distance)

ประชากร	Nat1	Nat2	Hat1	Hat2
Nat1	-			
Nat2	0.0347	-		
Hat1	0.0216	0.0445	-	
Hat2	0.0181	0.0383	0.0118	-

ตารางที่ 6 แสดงค่าสัมประสิทธิ์ (F_{st}) ในแต่ละตำแหน่งของประชากร

ตำแหน่ง	F_{st}
Mbr-1	+0.0152
Mbr-2	+0.0508
Mbr-7	+0.0452
Mbr-8	+0.0223
Mbr-10	+0.0483
ค่าเฉลี่ย	+0.0361
Bootstrapping over loci (95%C.I.)	0.0216 - 0.0478



ภาพที่ 3 แสดงความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมโดยวิธี Multi dimensional scaling (MDS)

โดย A = Nat 1, B = Nat 2, C = Hat 1, D = Hat 2

วิจารณ์

ความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็นปัจจัยสำคัญต่อการพัฒนาการเพาะเลี้ยงและการปรับปรุงพันธุ์กุ้งก้ามกราม จากรายงานในสัตว์น้ำหลายชนิด เช่น ปลาและกุ้งทะเล พบว่าประชากรธรรมชาติจะมีความหลากหลายทางพันธุกรรมแตกต่างจากประชากรโรงเพาะฟัก (Ramos-Paredes and Grijalva-Chon 2003) วิธีปฏิบัติในโรงเพาะฟักบางอย่างส่งผลกระทบโดยตรงต่อความหลากหลายทางพันธุกรรม เช่น การใช้พ่อแม่พันธุ์จำนวนน้อยเป็นประชากรเริ่มต้นในโรงเพาะฟัก ทำให้สูญเสียอัลลิลหายากและเกิดการขาดช่วงทางพันธุกรรม หรือการใช้พ่อแม่พันธุ์ที่ไม่ทราบพันธุ์ประวัติทำให้เกิดการผสมเลือดชิดของสายพันธุ์ที่ใช้เลี้ยง

ผลการศึกษาครั้งนี้ชี้ว่ากุ้งก้ามกรามจากโรงเพาะฟักทั้งสองแห่งมีระดับความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง และไม่มีความแตกต่างจากประชากรธรรมชาติ คือ แม่น้ำเจ้าพระยาและแม่น้ำกระบุรี ซึ่งประเมินได้จากจำนวนอัลลิลที่พบ (A_e) และค่าสังเกตเฮตเทอโรไซโกซิตี (H_o) สามารถกล่าวได้ว่ากุ้งจากโรงเพาะฟักทั้งสองสายพันธุ์ผ่านการจัดการพ่อแม่พันธุ์ค่อนข้างดีทำให้ความหลากหลายทางพันธุกรรมคงอยู่ในระดับสูง ผลการทดสอบสมดุลฮาร์ดี-ไวน์เบิร์กและ linkage disequilibrium แสดงว่า ไม่มีการปะปนของกุ้งประชากรอื่นในกุ้งสายพันธุ์โรงเพาะฟัก

ประชากรกุ้งก้ามกรามที่ศึกษามีโครงสร้างที่ชัดเจนในระดับปานกลางมื่อพิจารณาจากค่า F_{ST} (0.0361) ซึ่งความแตกต่างระหว่างกุ้งประชากรโรงเพาะฟักเป็นผลจากการคัดพันธุ์ ส่วนความแตกต่างระหว่างกุ้งประชากรธรรมชาติเนื่องจากสภาพทางภูมิศาสตร์ แม่น้ำเจ้าพระยาและแม่น้ำกระบุรีไม่มีบริเวณที่เชื่อมต่อกันจึงไม่มีการถ่ายยีนระหว่างประชากร เมื่อจัดกลุ่มความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมด้วยการวิเคราะห์

Multidimensional scaling พบว่าสอดคล้องกับแหล่งกำเนิดและสภาพทางภูมิศาสตร์ โดยประชากรรวมโชคฟาร์ม (Hat 1) และประชากรลมโชยฟาร์ม (Hat 2) เป็นกุ้งสายพันธุ์พื้นเมืองที่เกษตรกรใช้เป็นพ่อแม่พันธุ์ ถูกจัดให้อยู่กลุ่มเดียวกับประชากรแม่น้ำเจ้าพระยา (Nat 1) ส่วนประชากรแม่น้ำกระบุรี ถูกจัดแยกเป็นกลุ่มที่สอง ซึ่งความใกล้ชิดทางพันธุกรรมภายในประชากรกลุ่มที่หนึ่งเนื่องจากกุ้งก้ามกรามสายพันธุ์พื้นเมืองมีต้นกำเนิดจากแม่น้ำเจ้าพระยา โดยกรมประมงเป็นผู้ริเริ่มการเพาะเลี้ยงกุ้งก้ามกรามโดยใช้พ่อแม่พันธุ์จากแม่น้ำเจ้าพระยา เพื่อขายลูกกุ้งให้เกษตรกรและปล่อยลงสู่แหล่งน้ำธรรมชาติตามนโยบายการอนุรักษ์พันธุ์สัตว์น้ำเป็นระยะเวลากว่า 30 ปี ประชากรแม่น้ำเจ้าพระยาจึงประกอบด้วยประชากรธรรมชาติดั้งเดิมและกุ้งจากโรงเพาะฟัก แต่ไม่ปรากฏว่ามีการปล่อยกุ้งจากโรงเพาะฟักลงในแม่น้ำกระบุรี

จากการที่เกษตรกรในพื้นที่เข้าใจว่าปัญหากุ้งโตช้าเกิดจากความเสื่อมของพันธุกรรมสายพันธุ์ที่ใช้เลี้ยงดั้งเดิม จึงแก้ปัญหาโดยนำกุ้งจากต่างประเทศ เช่น อินเดียและพม่ามาเป็นพ่อแม่พันธุ์ เนื่องจากกุ้งเหล่านี้มีขนาดใหญ่และโตเร็วกว่ากุ้งสายพันธุ์พื้นเมือง อนึ่งการนำกุ้งจากต่างถิ่นมาเลี้ยงในประเทศอาจเป็นสาเหตุของการระบาดของโรคไวรัสกุ้งก้ามกรามที่เกิดขึ้นในปัจจุบัน โดยสรุปปัญหากุ้งโตช้าที่เกิดในแหล่งเลี้ยงในเขตภาคตะวันตกน่าจะมาจากสาเหตุอื่นที่ไม่ใช่พันธุกรรม เช่น การคัดพันธุ์ทางอ้อมทำให้กุ้งเจริญพันธุ์เร็วเนื่องจากกุ้งก้ามกรามมีขนาดตัวที่แตกต่างกันเพราะพฤติกรรมการสร้างอาณาเขตทำให้เกษตรกรต้องทยอยจับ

โดยจับกุ้งขนาดใหญ่ที่โตเร็วขายและเก็บกุ้งขนาดเล็กไว้เป็นพ่อแม่พันธุ์ นอกจากนี้ความเสื่อมโทรมของบ่อเลี้ยงและแหล่งน้ำ และการจัดการพ่อแม่พันธุ์ที่ไม่ถูกต้องล้วนส่งผลกระทบต่อผลผลิตของกุ้งก้ามกรามทั้งสิ้น แม้ผลการศึกษาแสดงว่ากุ้งสายพันธุ์พื้นเมืองยังมีความหลากหลายทางพันธุกรรมค่อนข้างสูง เกษตรกรควรตรวจสอบและเฝ้าระวังการเปลี่ยนแปลงความหลากหลายทางพันธุกรรมในประชากรพ่อแม่พันธุ์และแก้ปัญหาอื่นๆให้ถูกจุด เพื่อเพิ่มผลผลิตและให้การเพาะเลี้ยงกุ้งก้ามกรามมีความยั่งยืนต่อไป

กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนงบประมาณ จากสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย ภายใต้โครงการทุนเมธีวิจัยอาวุโส ศาสตราจารย์ ดร.อุทัยรัตน์ ณ นคร และศูนย์เทคโนโลยีชีวภาพเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ กำแพงแสน จ. นครปฐม

เอกสารอ้างอิง

กลุ่มวิจัยและวิเคราะห์สถิติการประมง. สถิติผลผลิตการเลี้ยงสัตว์น้ำจืด ประจำปี 2547. กรมประมง

ศรีรัตน์ สอดศุข และพนม กระจ่างพจน์ สอดศุข. 2541. ความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรกุ้งก้ามกรามจาก 3 แหล่งในประเทศไทย. เอกสารวิชาการฉบับที่ 18/2541 กรมประมง.

Archie, J.W. 1985. Statistical analysis of heterozygosity data: independent sample comparisons. Evolution, 39 (3): 623-637.

Charoentawee, K., S. Poompuang and U. Na-Nakorn. 2006. Isolation and characterization of microsatellites in giant freshwater prawn *Macrobrachium rosenbergii*. Molecular Ecology Notes. 6, 823-825

Goudet, J. 1995. FSTAT (v. 2.9.3): a computer program to calculate F-statistics.J.Heredity. 86:485-486.

Miller, M. P. 1997. Tools for Population Genetic Analyses (TFPGA) version 1.3. Department of Biological Sciences, Northern Arizona University, Arizona.

Ramos-Paredes J., and J.M. Grijalva-Chon. 2003. Allozyme analysis in hatchery strains and wild blue shrimp, *Penaeus stylirostris* (Stimpson) from the Gulf of California. Aquaculture Research 34, 221-234.

Raymond, M. and F. Rousset.1995. GENEPOP (version 3.3): population genetics software for exact tests and ecumenicism. J. Heredity 86: 248-249.

Taggart JB, Hynes RA, Prodohl PA, Ferguson A (1992) A simplified protocol of routine total DNA isolation from salmonid fishes. Journal of Fish Biology, 40, 963–965.