

บทที่ 6

สรุปผลการทดลอง

การคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอมีประสิทธิภาพในการจำแนกเอกลักษณ์ทางพันธุกรรมในไก่ประดู่หางดำ แบ่งออกเป็น 2 ขั้นตอนย่อย คือ (1) การคัดกรองเครื่องหมายโมเลกุล AFLP จากตัวอย่างดีเอ็นเอที่ได้จากการรวมตัวอย่างดีเอ็นเอไก่เข้าด้วยกัน (pooled) และ (2) การคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอจากไก่เป็นรายตัว (individual) จากนั้นนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ไปพัฒนาเป็นเครื่องหมายโมเลกุลอย่างง่าย (co-dominant marker) ได้จำนวน 27 เครื่องหมาย คือ AFLP01 ถึง AFLP27 จากนั้นนำเครื่องหมายโมเลกุลดังกล่าว ถูกคำนวณค่าความถี่จีโนไทป์และความถี่อัลลีล พบว่าในการศึกษาครั้งนี้ความถี่จีโนไทป์มี 3 รูปแบบ โดยค่าความถี่จีโนไทป์แบบ AA อยู่ระหว่าง 0.00-0.92 ในขณะที่ค่าความถี่จีโนไทป์แบบ AB อยู่ระหว่าง 0.02-0.58 และค่าความถี่จีโนไทป์แบบ BB อยู่ระหว่าง 0.00-0.94 ในขณะที่ค่าความถี่อัลลีล A อยู่ระหว่าง 0.051-0.953 และค่าความถี่อัลลีล B อยู่ระหว่าง 0.047-0.969

การคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอในการจำแนกเอกลักษณ์ทางพันธุกรรมของไก่ประดู่หางดำ โดยการใช้เครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอ SNP จำนวน 27 เครื่องหมาย พบว่าเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอดังกล่าว สามารถจำแนกไก่ประดู่หางดำแต่ละตัวออกจากกันได้ด้วยค่า PI มีค่าเท่ากับ 3.37×10^{-8} (มีโอกาสตรวจสอบพบไก่ประดู่หางดำที่มีจีโนไทป์เหมือนกัน ประมาณ 1 ใน 29 ล้านตัว)

สำหรับผลการคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอจำนวนน้อยที่สุด ที่สามารถจำแนกเอกลักษณ์ทางพันธุกรรมของไก่ประดู่หางดำถูกพิจารณาจาก 3 วิธีการ คือ

การคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่พิจารณาจากค่าของ HWE ถูกแบ่งออกเป็น 2 ส่วน โดยพบว่าเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่อยู่ใน HWE มีจำนวน 16 เครื่องหมาย สามารถจำแนกไก่ประดู่หางดำแต่ละตัวออกจากกันได้ด้วยค่า PI มีค่าเท่ากับ 2.32×10^{-5} (มีโอกาสตรวจสอบพบไก่ประดู่หางดำที่มีจีโนไทป์เหมือนกัน ประมาณ 1 ใน 43,111 ตัว) ส่วนในเครื่องหมายโมเลกุลที่ไม่อยู่ใน HWE พบว่ามีจำนวน 11 เครื่องหมาย สามารถจำแนกไก่ประดู่หางดำแต่ละตัวออกจากกันได้ด้วยค่า PI มีค่าเท่ากับ 1.00×10^{-3} (มีโอกาสตรวจสอบพบไก่ประดู่หางดำที่มีจีโนไทป์เหมือนกัน

ประมาณ 1 ใน 55 ตัว) เมื่อพิจารณาการคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่อยู่ใน HWE พบว่ามีประสิทธิภาพในการจำแนกไก่ประดู่หางดำออกกันได้สูงกว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่ไม่อยู่ใน HWE

การคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอจากค่า PIC ซึ่งเป็นค่าที่แสดงความหลากหลายของเครื่องหมายโมเลกุล ในการศึกษาครั้งนี้ พบว่าค่า PIC มีค่าอยู่ระหว่าง 0.06-0.37 ซึ่งมีค่าอยู่ในระดับปานกลางถึงค่อนข้างต่ำ โดย PIC ที่มีค่าความหลากหลายต่ำที่สุด คือ เครื่องหมายโมเลกุล AFLP25 ส่วนเครื่องหมายโมเลกุล PIC ที่มีค่าความหลากหลายสูงที่สุด คือ AFLP4, AFLP5, AFLP6, AFLP19 และ AFLP20 สำหรับการคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอด้วยค่า PIC ถูกแบ่งออกเป็น 2 ส่วน พบว่าเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่มีค่า PIC ที่มากกว่า 0.3 มีจำนวน 13 เครื่องหมาย สามารถจำแนกไก่ประดู่หางดำแต่ละตัวออกจากกันได้ด้วยค่า PI มีค่าเท่ากับ 7.83×10^{-6} (มีโอกาสตรวจสอบพบไก่ประดู่หางดำที่มีจีโนไทป์เหมือนกัน ประมาณ 1 ใน 127,734 ตัว) ส่วนเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่มีค่า PIC น้อยกว่าหรือเท่ากับ 0.3 พบว่ามีจำนวน 14 เครื่องหมาย สามารถจำแนกไก่ประดู่หางดำแต่ละตัวออกจากกันได้ด้วยค่า PI มีค่าเท่ากับ 4.30×10^{-3} (มีโอกาสตรวจสอบพบไก่ประดู่หางดำที่มีจีโนไทป์เหมือนกัน ประมาณ 1 ใน 232 ตัว) เมื่อพิจารณาการคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอจากการคำนวณค่า PIC พบว่าเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่มีค่า PIC ที่มากกว่า 0.3 มีประสิทธิภาพในการจำแนกไก่ประดู่หางดำออกกันได้สูงกว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่น้อยกว่าหรือเท่ากับ 0.3

การคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอจากค่า PI โดยเป็นค่าที่บ่งบอกถึงโอกาสที่สัตว์แต่ละตัวจะมีลักษณะทางพันธุกรรมเหมือนกัน ในการศึกษาครั้งนี้พบว่า PI มีค่าอยู่ระหว่าง 0.357-0.883 โดย PI ที่มีค่าต่ำสุด คือ เครื่องหมายโมเลกุล AFLP05 ส่วนเครื่องหมายโมเลกุล PI ที่มีค่าสูงสุด คือ AFLP25 สำหรับการคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอด้วยค่า PI ในการจำแนกเอกลักษณ์ทางพันธุกรรมของไก่ประดู่หางดำ โดยเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอถูกแบ่งออกเป็น 2 ส่วน พบว่าเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่มีค่า PI ที่น้อยกว่า 0.5 มีจำนวน 15 เครื่องหมาย สามารถจำแนกไก่ประดู่หางดำแต่ละตัวออกจากกันได้ด้วยค่า PI มีค่าเท่ากับ 1.85×10^{-6} (มีโอกาสตรวจสอบพบไก่ประดู่หางดำที่มีจีโนไทป์เหมือนกัน ประมาณ 1 ใน 541,181 ตัว) ส่วนเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่มีค่า PI มากกว่าหรือเท่ากับ 0.5 พบว่ามีจำนวน 12 เครื่องหมาย สามารถจำแนกไก่ประดู่หางดำแต่ละตัวออกจากกันได้ด้วยค่า PI มีค่าเท่ากับ 1.80×10^{-1} (มีโอกาสตรวจสอบพบไก่ประดู่หางดำที่มีจีโนไทป์เหมือนกัน ประมาณ 1 ใน 55 ตัว) เมื่อพิจารณาการคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอจากการคำนวณค่า PI พบว่าเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่มีค่า PI ที่น้อยกว่า 0.5 มีประสิทธิภาพในการจำแนกไก่ประดู่หางดำออกกันได้สูงกว่าเครื่องหมายโมเลกุลที่มากกว่าหรือเท่ากับ 0.5

จากการคัดเลือกเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอโดยพิจารณาจากค่า HWE, PIC และ PI ดังกล่าวข้างต้น เพื่อจำแนกเอกลักษณ์ทางพันธุกรรมของไก่ประดู่หางดำ พบว่าเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่คัดเลือกจากค่า PI (1.85×10^{-6}) มีประสิทธิภาพในการจำแนกไก่ประดู่หางดำแต่ละตัวออกได้สูงกว่าเครื่องหมายโมเลกุลดีเอ็นเอที่คัดเลือกจากค่า PIC (7.83×10^{-6}) และ HWE (2.32×10^{-5}) ตามลำดับ



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved