

บทปริทัศน์บทความเรื่อง การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมและโครงสร้าง ประชากรกึ่งกุลาดำในประเทศไทย

อุทัยรัตน์ ณ นคร

เนื้อหาโดยรวมของบทความ

การวิจัยเรื่องนี้มีวัตถุประสงค์ 2 ประการ คือ 1) การพัฒนา primers สำหรับการศึกษาไมโครแซเทลไลต์ ดีเอ็นเอในกึ่งกุลาดำ และ 2) การศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรกึ่งกุลาดำ 5 ประชากร โดยใช้ข้อมูลความผันแปรของไมโครแซเทลไลต์ ดีเอ็นเอ

ผลการศึกษาพบว่าสามารถพัฒนาไพรเมอร์สำหรับการศึกษาไมโครแซเทลไลต์ในกึ่งกุลาดำได้ 16 คู่ จากนั้นได้นำไพรเมอร์ที่พัฒนาได้ 3 คู่ และไพรเมอร์ที่พัฒนาจากต่างประเทศ 2 คู่ วิเคราะห์ลักษณะพันธุกรรมของกึ่งกุลาดำจากอ่าวไทย 2 ประชากร (ประชากรจากชุมพรและตราด) และประชากรจากฝั่งทะเลอันดามัน 3 ประชากร (ประชากรจากสตูล ตรังและพังงา) ผู้วิจัยได้รายงานค่าความหลากหลายทางพันธุกรรมภายในประชากร (จำนวนอัลลีล/ตำแหน่ง เฮตเทอโร-ไซโกซิตี) ความแตกต่างระหว่างคู่ประชากร ระยะห่างทางพันธุกรรมและแผนภูมิเชิงวิวัฒนาการ

การวิจัยเรื่องนี้สะท้อนถึงความก้าวหน้าทางด้านเทคโนโลยีทางพันธุศาสตร์โมเลกุลของประเทศไทย ทั้งยังให้ข้อมูลสำคัญที่เป็นประโยชน์ในการจัดการทรัพยากรกึ่งกุลาดำของประเทศไทย อย่างไรก็ตามมีข้อเสนอแนะหลายประการดังต่อไปนี้

บทนำ

สามารถแสดงให้เห็นความสำคัญของการศึกษาได้ชัดเจน แต่ในด้านการใช้ประโยชน์ข้อมูลจากการวิจัยเรื่องนี้ยังคงค่อนข้างสับสน ข้อมูลที่ได้นี้จะประโยชน์โดยตรงต่อการจัดการทรัพยากรส่วนประโยชน์ต่อการจัดการพันธุกรรมของกึ่งกุลาดำเพื่อการคัดเลือกและปรับปรุงพันธุ์นั้น เป็นคำถามที่คลุมเครือ น่าจะต้องมีการขยายความให้เฉพาะเจาะจงยิ่งขึ้น

เนื้อหาเน้นความรู้เกี่ยวกับเครื่องหมายพันธุกรรมค่อนข้างมาก ในขณะที่ขาดข้อมูลเกี่ยวกับความหลากหลายทางพันธุกรรม ซึ่งจะช่วยให้ผู้อ่านทราบความหมายของค่าต่าง ๆ ที่ใช้วัดความหลากหลาย ตลอดจนค่าที่ได้จากการศึกษาในสัตว์น้ำชนิดต่าง ๆ เพื่อผู้อ่านจะเกิดแนวความคิดว่าไมโครแซเทลไลต์ควรมีความหลากหลายในระดับใด

อุปกรณ์และวิธีการ

- ในการศึกษาสามารถพัฒนาไมโคแซเทลไลต์ ไพรเมอร์ได้ถึง 16 คู่ และได้วิเคราะห์ตัวอย่างกุ้งจำนวนมากพอ แต่ไม่ได้นำข้อมูลมาวิเคราะห์ คงใช้ข้อมูลจากไพรเมอร์เพียง 5 คู่ ซึ่งนับว่าค่อนข้างน้อย และคงไม่เป็นตัวแทนของพันธุกรรมทั้งหมดของกุ้งกุลาดำ

- การเก็บตัวอย่าง น่าจะให้รายละเอียดว่าเก็บอย่างไร เช่นซื้อจากชาวประมง หรือออกรือไปเก็บเอง จากจุดแน่นอนตรงไหน (ถ้าระบุได้) เพราะรายละเอียดเหล่านี้จะช่วยให้สามารถวิจารณ์ผลได้กว้างขวางขึ้น

- การวิเคราะห์ข้อมูล ขาดการวิเคราะห์ที่สำคัญหลายประเด็น เช่น

(1) สมดุลยของ Hardy-Weinberg เป็นสิ่งสำคัญที่ควรวิเคราะห์เพราะการคำนวณค่าหลาย ๆ ค่า อาศัยสมมุติฐานของประชากรใน Hardy-Weinberg equilibrium นอกจากนั้น การที่ประชากรไม่อยู่ในสมดุลอาจให้ข้อมูลสำคัญเกี่ยวกับโครงสร้างประชากร เช่น การปะปนกันของประชากร (mixed stock)

(2) ค่า F statistics ซึ่งจะแสดงว่าประชากรที่ศึกษาแบ่งเป็นประชากรย่อย ๆ ที่แตกต่างทางพันธุกรรมหรือไม่ ความแตกต่างเกิดในระดับใด

(3) ควรวิเคราะห์ genotype disequilibrium ซึ่งอาจให้ข้อพิสูจน์เรื่องการปะปนกันกับกุ้งต่างประชากร

(4) การวิเคราะห์ geographic heterogeneity หมายถึง population differentiation หรือไม่ การวิเคราะห์ความแตกต่างทางพันธุกรรมระหว่างประชากร ควรทดสอบในภาพรวมยีนทุกตำแหน่งด้วย

ผลการทดลอง

- ควรแสดงผลความถี่อัลลีล ซึ่งจะให้ข้อมูลเพิ่มเติมในเรื่องอัลลีลที่แสดงความแตกต่างระหว่างประชากร ฯลฯ ข้อมูลนี้สามารถนำไปใช้ประโยชน์ในการติดตามประชากรและอื่น ๆ

- ขาดข้อมูลระยะห่างทางพันธุกรรม ซึ่งอาจแสดงในภาพแผนภูมิความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมก็ได้ แต่ในการศึกษานี้ไม่ได้แสดงมาตราส่วนดังกล่าวได้

วิจารณ์ผล

การวิจารณ์ผลไม่ครอบคลุมผลการทดลองเท่าที่ควร และยังขาดการอธิบายในบางจุด โดยทั่วไปแนวทางการวิจารณ์อย่างน้อยควรครอบคลุมประเด็นต่อไปนี้

- ระดับความหลากหลายภายในประชากร สูงหรือต่ำอย่างไร ในการศึกษาที่สรุปว่าความหลากหลายภายในประชากรมีค่าสูง แต่ไม่ได้แสดงข้อมูลประกอบว่าโดยทั่วไปความหลากหลายของ

ไมโครแซเทลไลต์ในสัตว์ต่างๆ ควรมีค่าระดับใด การที่มีความหลากหลายภายในประชากรสูงแสดงว่าประชากรเป็นอย่างไร (เป็นประชากรขนาดใหญ่ มีพ่อแม่พันธุ์จำนวนมาก ประชากรจะมีความสามารถในการปรับตัวในสิ่งแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไปได้ดี)

- โครงสร้างของประชากร แบ่งเป็นประชากรย่อยๆ หรือไม่ (ดูจากค่า F_{ST}) ประชากรแต่ละประชากรอยู่ในสมดุลหรือไม่ ถ้าไม่อยู่ในสมดุลน่าจะเกิดจากเหตุใด (ในการศึกษานี้ไม่ได้วิเคราะห์ในส่วนนี้)

- ความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างประชากร วิเคราะห์โดยเทียบเคียงกับความเป็นจริงทางชีววิทยาและภูมิศาสตร์ กล่าวโดยทั่วไป คือ ประชากรควรจะแตกต่างกันเล็กน้อยตามระยะทางระหว่างประชากร หรือการมีสิ่งกีดขวางทางธรรมชาติ ในสัตว์ทะเลหากระยะของการเป็นตัวอ่อนมีระยะยาว จะสามารถล่องลอยไปปะปนกับประชากรอื่นๆ ได้ ดังนั้นจึงต้องนำข้อมูลทิศทางการแสน้ำมาประกอบการวิเคราะห์ นอกจากนั้นธรรมชาติในการสืบพันธุ์ก็มีความสำคัญ เช่น การที่ประชากรกึ่งในทะเลอันดามัน ไม่มีความแตกต่างทางพันธุกรรมอาจเกิดจากการที่กึ่งผสมพันธุ์ในที่เดียวกัน แล้วแยกย้ายไปวางไข่ตามที่ต่างๆ (สมมุติ) ฯลฯ

- การสรุปว่ามีการปะปนของกึ่งจาก จ.ชุมพร กับกึ่งจากฝั่งอันดามัน มีหลักฐานสนับสนุนไม่เพียงพอ ควรจะมีข้อมูลอื่นประกอบ เช่น มีอัลลีลที่เป็นอัลลีลที่พบเฉพาะฝั่งอันดามัน ปรากฏในประชากรชุมพรหรือไม่ ผลการวิเคราะห์ genotype disequilibrium อาจช่วยสนับสนุนได้ การที่ค่า heterozygosity และค่าเฉลี่ยจำนวนอัลลีลค่อนข้างสูง ก็อาจเป็นเหตุผลสนับสนุนข้อสรุปนี้ได้ แต่ต้องมีการทดสอบทางสถิติว่าค่าดังกล่าวสูงกว่าประชากรอื่นๆ จริงหรือไม่

- นอกจากนั้นการอธิบายว่า “ความแตกต่างภายในประชากรระหว่างชุมพรกับตราด น่าจะเกิดจากการที่เกษตรนำแม่พันธุ์หรือลูกกึ่งจากอันดามันไปเลี้ยงในบริเวณจังหวัดชุมพร” ค่อนข้างจะรวบรัดเกินไป น่าจะพิจารณาข้อมูลกระแสน้ำ แหล่งวางไข่ของแม่กึ่ง (ถ้ามี) ก่อน นอกจากนั้นแม่ข้อสรุปนี้จะถูกต้อง ก็ควรอธิบายเพิ่มเติมว่า การนำกึ่งจากทะเลอันดามันไปเลี้ยงที่ชุมพร ทำให้พันธุกรรมกึ่งชุมพรเปลี่ยนแปลงได้อย่างไร เพราะการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมจะเกิดก็ต่อเมื่อกึ่งจากพ่อแม่เลี้ยงเลือดลดลงในทะเล เจริญเป็นพ่อแม่พันธุ์และผสมพันธุ์กับกึ่งบริเวณ จ.ชุมพร โดยปกติในการเลี้ยงกึ่งจะมีกึ่งเลือดลดลงจากพ่อแม่จำนวนไม่มาก นอกจากจะเกิดน้ำท่วม จึงต้องพิจารณาด้วยว่ามีเหตุการณ์แบบนี้เกิดขึ้นหรือไม่ในอดีต นอกจากนั้นแล้วควรนำผลการศึกษาที่ให้ผลคล้ายคลึงกันนี้มาสนับสนุนข้อสรุปด้วย

อย่างไรก็ตามงานวิจัยเรื่องนี้มีคุณค่าในตัวเอง หากได้วิเคราะห์ข้อมูลเพิ่มเติมและปรับปรุงวิธีการเขียนก็จะเป็นผลงานวิจัยชิ้นเด่นอีกเรื่องหนึ่ง