بررسی جمعیت و تعیین میزان تنوع ژنتیکی میگوی سفید هندی (*Penaeus indicus*) در منطقه دریای عمان با استفاده از مارکرهای ریز ماهواره (میکروساتلایت)

سعید تمدنی جهرمی[1*]
اشکان اژدها کش پور[2]

۱. استادیار بخش ژنتیک، پژوهشکده اکولوژی خلیج‌فارس و دریای عمان، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، ترویج و آموزش کشاورزی، بندرعباس، ایران
۲. کارشناس ارشد بخش آبزی‌پروری، پژوهشکده میگوی کشور، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، ترویج و آموزش کشاورزی، بوشهر، ایران

***مسئول مکاتبات:**
stamadoni@gmail.com

کد مقاله: ۱۳۹۶۰۲۰۴۷۰
تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۰۷/۱۲
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵/۰۸/۱۸
این مقاله برگرفته از طرح پژوهشی است.

چکیده

این تحقیق باهدف تعین میزان تنوع ژنتیکی جمعیت گونه میگوی سفید هندی (*Penaeus indicus*) در دو منطقه بندر جاسک و بندر گواتر و از هریک از دو منطقه مذکور ۴۰ نمونه با تأکید بر حفظ تنوع زیستی و اعمال مدیریت صحیح بر ذخایر ژنتیکی این‌گونه مهم و اقتصادی انجام شد. در این مطالعه ۴ جفت پرایمر میکروساتلایت مورداستفاده قرار گرفتند که درمجموع ۶ آلل اختصاصی در ۲ جمعیت ذکرشده مشاهده گردید. میزان هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در اغلب موارد کمتر از هتروزیگوسیتی قابل‌انتظار بود. این امر می‌تواند درنتیجه آمیزش درون جمعیتی، استرس وارده به جمعیت‌ها براثر صید بی‌رویه مولدین و در پی ان از دست رفتن زیستگاه‌های این‌گونه بخصوص در منطقه خلیج جاسک باشد. همچنین با توجه به میزان Fst و Nm ثبت‌شده برای نمونه‌های متعلق به این‌گونه در مناطق جاسک و گواتر به نظر می‌رسد که این دو منطقه دارای تمایز ژنتیکی پایین و جریان ژنی نسبتاً بالا در بین مولدین این دو منطقه بوده که می‌تواند به علت مهاجرت آزاد مولدین بین مناطق موردمطالعه باشد. در این بررسی مشخص گردید که مارکر های میکروساتلایت می‌توانند به‌صورت ابزاری مناسب در جهت تفکیک جمعیت میگوی سفید هندی بکار روند. تمامی آلل‌های به‌دست‌آمده در این مطالعه در گونه موردبررسی پلیمورف بودند که در این میان بیشترین تعداد آلل مشاهده‌شده در گونه یادشده متعلق به منطقه جاسک بودند. مجموعاً ۶ آلل اختصاصی در دو جمعیت موردمطالعه در میگوی سفید هندی یافت شد که می‌توان ازاین‌گونه آلل‌ها در برنامه‌های تولیدمثلی و همچنین دورگه گیری استفاده کرد.

واژگان کلیدی: میگوی سفید هندی، ریز ماهواره، دریای عمان، *Penaeus indicus*.

مقدمه

میگوهای جنس پنائوس (*Penaeus*) یکی از مهم‌ترین و ذخایر آبزیان اقتصادی در دریای عمان و خلیج‌فارس می‌باشند که نقش مهمی در صنعت صید و صیادی در کشور ایفا کرده و در صنایع تکثیر و پرورش نیز نقش بسزایی رادارند (Khorshidian, 2002). این گروه باارزش و متنوع در آب‌های استوایی و نیمه استوایی در سراسر جهان یافت می‌شوند. علی‌رغم وجود اطلاعات زیاد در رابطه با فیزیولوژی این جنس متأسفانه تحقیقات کمی در مورد نسبت‌های خویشاوندی و جمعیتی در این گروه باارزش انجام‌شده است (Baldwin *et al*., 1998). گونه میگوی سفید هندی (*Penaeus indicus*) از گونه‌های مهم اقتصادی جهت تکثیر و پرورش بوده (Niamaimandi, 2006) و شناسایی ذخایر ژنتیکی این‌گونه می‌تواند یکی از اولویت‌های مهم در جهت به‌گزینی مولدین این‌گونه در امر تکثیر و پرورش باشد. مارکرهای میکروساتلایت یا توالی‌های کوتاه تکراری (SSRS) درواقع توالی نوکلئوتیدی تکراری ساده از ژنوم موجود می‌باشند که بین ۱ تا ۶ جفت باز تکرار شده‌اند و میزان بالایی از پلی مورفیسم اللی را نشان می‌دهند. آن‌ها به‌طور عمده در نقاط خاصی از ژنوم پراکنده‌اند. از مزیت استفاده از این توالی‌ها می‌تواند به کوچک بودن جایگاه ژنی، توارث مندلی و نشان دادن تنوع در مقیاس بسیار بالا اشاره کرد (Liu *et al*., 2004). میکروستلایت‌ها درزمینه شیلات و آبزی‌پروری برای توصیف ذخایر ژنتیکی، انتخاب ذخایر مولدین، شناسایی ژن‌های کدگذاری کننده صفات مهم اقتصادی، برنامه‌های تولیدمثلی، مطالعات ساختار جمعیتی، تفکیک نژادهای پرورشی از طبیعی، ارزیابی رابطه ژنتیکی والدین با فرزندان، مدیریت

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-06-07]

والدین، تشخیص ژینوژنز، پلی پلوئیدی، تشخیص دورگه‌ها و ارزیابی تکاملی کارایی بالایی دارند (Chistiakov *et al*., 2004). Vanavichit و همکاران (۱۹۹۸) از مارکرهای میکروساتلایت به‌عنوان مارکرهای ژنتیکی در گونه میگوی ببری سیاه استفاده نموده و پیشنهاد کردند که این مارکرها برای مطالعات ژنومی و مدیریت ذخایر مولدین این‌گونه بسیار مفید می‌باشند. در سال‌های اخیر در ارتباط با شناسایی و جداسازی توالی‌های میکروساتلایتی در میگوهای خانواده پناییده در خلیج‌فارس تحقیقاتی انجام گردیده است که می‌تواند به جداسازی این توالی‌ها در میگوی ببری سبز توسط Tamadoni Jahromi و Othman (۲۰۱۱) اشاره کرد. فاکتورهایی نظیر جایگاه جغرافیایی، جریان‌های دریایی، چرخه زندگی و خصوصیت‌های اکولوژیکی می‌توانند بر روی اختلاف و فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها مؤثر باشند. اثرات این مؤلفه‌ها در مطالعات جمعیتی بر روی میگوی *Litopeneaus schmitti* به اثبات رسیده و در جهت حفظ ذخایر ژنتیکی و برنامه‌های تکثیر و پرورش این‌گونه مؤثر بوده است (Maggioni *et al*., 2003). میگوی سفید هندی در ایران از منطقه جزیره هرمز تا پاکستان گسترده است. لازم به ذکر است که این‌گونه در محدوده جزیره هرمز تا بندر کلاهی از تراکم بسیار کمی برخوردار است. بر اساس مطالعات انجام‌شده بیشترین تراکم این‌گونه در محدوده شهرستان جاسک، جاسک کهنه، مزاری، شرق جاسک از جگین تا گابریک بوده و صید میگوی مولد جهت مراکز تکثیر کشور در این مناطق صورت می‌گیرد (زرشناس، ۱۳۷۷). تاکنون مطالعات کمی در رابطه با ذخایر این‌گونه از آبزیان و پراکنش جمعیت‌های ژنتیکی احتمالی موجود در مناطق پراکنش گونه‌های اقتصادی ازاین‌گونه در مناطق ساحلی استان‌های هرمزگان و سیستان‌وبلوچستان و بهره‌برداری از نتایج حاصله صورت پذیرفته است. لذا با توجه به اهمیت این‌گونه در امر تکثیر و پرورش، مطالعات جمعیتی بر روی این‌گونه در جهت حفظ تنوع زیستی و معرفی ژنو تیپ‌های احتمالی موجود در مناطق عمده صید و پراکنش آن‌ها و همچنین اعمال مدیریت صحیح بر ذخایر این‌گونه مهم از اهمیت خاصی برخوردار است که در این تحقیق سعی شده است به مطالعه جمعیتی این‌گونه با استفاده از مارکرهای میکروساتلایت در دو منطقه مهم صید این‌گونه پرداخته شود.

مواد و روش‌ها

نمونه‌برداری به‌صورت تصادفی به روش ترال کف از مناطق گواتر و جاسک به تعداد ۴۰ نمونه از هر منطقه در اعماق ۶۰ تا ۸۰ متر در یک نوبت انجام گرفت. از هر نمونه ۲ گرم از عضلات پشتی و پای شنا برداشته و در الکل اتیلیک خالص نگهداری و به آزمایشگاه منتقل شدند (شکل ۱).

شکل ۱: میگوی سفید هندی (*Penaeus indicus*).

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-06-07]

جهت استخراج ژنوم کل (Total DNA) با استفاده از روش فنل – کلروفورم ابتدا ۵۰ میلیگرم از بافت عضلانی را در داخل تیوپ‌های ۱/۵ میلی‌لیتری قرار داده و خورد گردید. سپس با استفاده از محلول استخراج شامل STE (Salt,Triss,EDTA)، پروتئنیاز K (۱۰ میلی‌گرم در میلی‌لیتر) و SDS (سدیم دودسیل سولفات) ۲۰ درصد مرحله هضم سلولی انجام و با استفاده از فنل (PH=۸) و کلروفرم – ایزو آمیل الکل (۲۴:۱) سانتریفوژ و درنهایت با استفاده از اتانول خالص کلاف‌های DNA رسوب داده‌شده (Taggart *et al*., 1992) و ارزیابی کیفی با استفاده از ژل آگارز و ارزیابی کمی با استفاده از دستگاه اسپکتروفتومتر (Eppendorf) انجام گرفت. سپس با استفاده از DNA استخراج‌شده در یک واکنش به میزان ۲۵ ماکرو لیتر حاوی ۱ ماکرو لیتر از پرایمر Forward و ۱ ماکرو لیتر از پرایمر Reverse (پیشرو و معکوس)، ۲ ماکرو لیتر ۲۵ میلی مولار MgCl2، ۲/۵ ماکرو لیتر ۱۰ میلی مولار dNTP(Promega)، ۵ ماکرو لیتر 5X PCR buffer (Promega) و ۵ واحد از Taq DNA polymerase (Promega) و ۱۱/۵ ماکرو لیتر آب مقطر، اقدام به تولید محصول PCR شد. سیکل حرارتی استفاده‌شده شامل سیکل اولیه ۹۴ درجه به مدت ۴ دقیقه و ۳۰ ثانیه، به دنبال آن ۴۰ سیکل شامل دماهای واسرشته سازی (denaturation) ۹۴ درجه ۳۰ ثانیه، اتصال (annealing) ۴۵ ثانیه در دماهای اختصاصی برای هر پرایمر (طبق جدول ۱)، بسط و تکثیر (Extension) ۷۲ درجه به مدت یک دقیقه و در آخر دمای تکثیر نهایی ۷۲ درجه به مدت ۵ دقیقه بود. محصول PCR با استفاده از ژل پلی آکریل آمید ۶ درصد و رنگ‌آمیزی ایتیدیوم بروماید و با استفاده از اشعه UV مورد ارزیابی قرار گرفت. تصاویر از طریق دستگاه مستندساز ژل (شرکت Vilber Lourmant) با استفاده از برنامه نرم‌افزاری Photo capture انجام گردید. جهت ارزیابی و طبقه‌بندی باندهای حاصله از برنامه نرم‌افزاری AlphaImager 2200 استفاده شد.

جدول ۱: مجموع ٤ جفت پرایمر مورداستفاده جهت تولید محصول PCR مناسب و قابل ارزیابی در میگوی سفید هندی (*Penaeus indicus*).

شماره بانک ژنی	تکرار موتیف‌ها	درجه حرارت	غلظت $MgCl_2$	دامنه آللی	پرایمر مورداستفاده	لکوس
DQ۳۸۷۹۸۱	(GA)۱۳	۵۵	۱/ ۵ mM	۱۵۵–۲۳۰	F: TCGGTGATACGTCTCCATCA R: GCCTTGCTAGCAGAAGCCTA	IND ۱
JF۲۹۷۶۵۵	(TA)۲۳	۵۶	۲mM	۲۰۰ – ۲۵۰	F: GAGATGGGGAGCAAACAGAC R: CCGGCAAAATGAAGGAGTAA	IND ۲
JF۷۱۵۲۶۵	(AAT)۱۴	۵۰	۲mM	۱۵۵– ۲۰۰	F: CATTTTGGCGCGACTTCT R: GATTTGCTTAAAAATGCCATAA	IND ۳
JF۲۹۷۶۵۶	(CT)۱۴	۵۲	۱/ ۵ mM	۲۱۵ – ۲۵۰	F: CGGGGCCTTAATGAAGTAAT R: CCGAAAAGGAGGAGAAAGGT	IND ۴

فراوانی آللی Allele frequency، هتروزایگوسیتی مورد انتظار Expected Heterozygosity (He) و هتروزایگوسیتی مشاهده‌شده Observed Heterozygosity (Ho)، جداول مربوط به توزیع فراوانی آل‌ها در جایگاه‌های میکروساتلایتی، Fst (F- statistic) بر اساس تست Analysis of Molecular Variance (AMOVA) و همچنین بر اساس توزیع فراوانی الل‌ها در سطح احتمال ۰/۰۱، اندازه جمعیت مهاجر و رابطه آن با Fst با استفاده از نرم‌افزار GenAllEx محاسبه گردید.

نتایج

در این بررسی دامنه Ho بین مناطق نمونه‌برداری در تمامی لکوس‌ها ۰/۳۰۰ تا ۰/۶۵۰ و متوسط آن ۰/۵ بود که کمترین مقدار در جایگاه IND ۲ در نمونه‌های متعلق به منطقه گواتر و بیشترین مقدار در جایگاه IND۳ در نمونه‌های متعلق به منطقه گواتر بود. دامنه He نیز بین ۰/۵۰۱ تا ۰/۸۶۲ و

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-06-07]

متوسط ۰/۷۰۸ بود که کم‌ترین مقدار در جایگاه IND۳ در نمونه‌های متعلق به منطقه گواتر و بیشترین مقدار در جایگاه ۱ IND در نمونه‌های متعلق به منطقه جاسک ثبت گردید (جدول ۲).

جدول ۲: بررسی لکوس‌های میکروساتلایت در میگوی سفید هندی (*Penaeus indicus*).

جمعیت	لکوس	N	He	Ho	Ne	Na	F
جاسک	IND ۱	۴۰	۰/۸۶۲	۰/۴۷۵	۷/۲۵۶	۱۳/۰۰۰	۰/۴۴۹
جاسک	IND ۲	۴۰	۰/۷۱۷	۰/۶	۳/۵۴۰	۴/۰۰۰	۰/۱۶۴
جاسک	IND ۳	۴۰	۰/۶۱۸	۰/۴۵۰	۲/۶۲۱	۴/۰۰۰	۰/۲۷۲
جاسک	IND ۴	۴۰	۰/۶۷۷	۰/۵۷۵	۳/۰۹۸	۷/۰۰۰	۰/۱۵۱
گواتر	IND ۱	۴۰	۰/۷۸۸	۰/۴۰۰	۴/۷۲۷	۹/۰۰۰	۰/۴۹۳
گواتر	IND ۲	۴۰	۰/۶۷۴	۰/۳۰۰	۳/۰۶۵	۴/۰۰۰	۰/۵۵۵
گواتر	IND ۳	۴۰	۰/۵۰۱	۰/۶۵۰	۲/۰۰۵	۳/۰۰۰	۰/۲۹۷
گواتر	IND ۴	۴۰	۰/۶۵۳	۰/۵۷۵	۲/۸۸۰	۵/۰۰۰	۰/۱۱۹

(تعداد نمونه‌ها (N)، دمای اتصال پرایمر (Ta)، تعداد آلل‌ها (Na)، هتروزایگوسیتی مشاهده‌شده (He) و هتروزایگوسیتی قابل‌انتظار (Ho) برای هر لکوس نشان داده‌شده است).

جدول ۳: میزان Fis، Fit وFst بر اساس فراوانی الل‌ها در هر جایگاه ژنی در میگوی سفید هندی (*Penaeus indicus*) و رابطه آن‌ها با میزان مهاجرت (Nm).

	IND ۱	IND ۲	IND ۳	IND ٤	Mean
Fis	۰/۴۷۰	۰/۳۵۱	۰/۰۱۸	۰/۱۳۵	۰/۲۴۴
Fit	۰/۴۹۶	۰/۳۵۸	۰/۰۳۹	۰/۱۵۵	۰/۲۶۲
Fst	۰/۰۴۹	۰/۰۰۸	۰/۰۲۲۰	۰/۰۲۳	۰/۰۲۵
Nm	۴/۸۶۴	۳۲/۷۳۵	۱۰/۹۹۱	۱۰/۸۵۷	۹/۶۳۰

Nm: number of migrant

فراوانی آللی جایگاه‌های موردمطالعه متعلق به میگوی سفید هندی. حداکثر تعداد آللی در تمامی مناطق در لکوس ۱ IND در منطقه جاسک با ۱۳ آلل و حداقل آن در لکوس ۳ IND در منطقه گواتر با ۳ آلل مشاهده می‌گردد (جدول ۴).

جدول ٤: فراوانی آللی جایگاه‌های موردمطالعه و همچنین وضعیت آلل‌های اختصاصی متعلق به میگوی سفید هندی (*Penaeus indicus*).

Locus IND ۱			Locus IND ۲			Locus IND ۳			Locus IND ٤		
Allele	Jask	Guatr	Allele	Jask	Guatr	Allele	Jask	Guatr	Allele	Jask	Guatr
۱	۰/۰۳۸	۰/۰۱۳	۱	۰/۲۲۵	۰/۲۵۰	۱	۰/۵۶۳	۰/۶۲۵	۱	۰/۰۵۰	۰/۰۰۰
۲	۰/۰۵۰	۰/۳۰۰	۲	۰/۲۷۵	۰/۳۷۵	۲	۰/۱۲۵	۰/۰۵۰	۲	۰/۰۱۳	۰/۱۵۰
۳	۰/۲۶۲	۰/۰۱۳	۳	۰/۱۲۵	۰/۰۲۵	۳	۰/۱۷۵	۰/۳۲۵	۳	۰/۰۷۵	۰/۰۷۵
۴	۰/۰۲۵	۰/۰۸۷	۴	۰/۳۷۵	۰/۳۵۰	۴	۰/۱۳۸	۰/۰۰۰	۴	۰/۵۲۵	۰/۵۰۰
۵	۰/۰۳۸	۰/۰۱۳							۵	۰/۱۲۵	۰/۲۶۲
۶	۰/۱۵۰	۰/۲۳۷							۶	۰/۱۲۵	۰/۰۱۳
۷	۰/۱۲۵	۰/۰۰۰							۷	۰/۰۸۷	۰/۰۰۰
۸	۰/۰۶۳	۰/۰۵۰									

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-06-07]

Locus IND ۱			Locus IND ۲			Locus IND ۳			Locus IND ٤		
Allele	Jask	Guatr	Allele	Jask	Guatr	Allele	Jask	Guatr	Allele	Jask	Guatr
۹	۰/۱۲۵	۰/۲۲۵									
۱۰	۰/۰۱۳	۰/۰۰۰									
۱۱	۰/۰۲۵	۰/۰۶۳									
۱۲	۰/۰۲۵	۰/۰۵۷									
۱۳	۰/۰۶۳	۰/۰۰۰									

حداکثر Fst در دو جمعیت محاسبه‌شده از میگوی سفید هندی بر اساس میزان تنوع آللی بین نمونه‌های مناطق گواتر و جاسک ۰/۰۲۵ و با جریان ژنی (Nm) به میزان ۹/۶۳۰ به دست آمد (جدول ۵).

جدول ۵: میزان Fst بر اساس فراوانی آلل‌ها در میگوی سفید هندی (*Penaeus indicus*) و رابطه آن‌ها با میزان مهاجرت (Nm).

جمعیت ۱	جمعیت ۲	Fst (via Frequency)	Nm
جاسک	گواتر	۰/۰۲۵	۹/۶۳۰

جدول شماره ۵ میزان Fst بر اساس فراوانی آلل‌ها در میگوی سفید هندی و رابطه آن‌ها با میزان مهاجرت (Nm) را نشان می‌دهد. با توجه به رابطه معکوس این دو فاکتور و با توجه به میانگین میزان Fst و Nm ثبت‌شده برای نمونه‌های متعلق به میگوی سفید هندی در مناطق جاسک و گواتر به نظر می‌رسد که این دو منطقه دارای تمایز ژنتیکی پایینی و جریان ژنی نسبتاً بالا در مولدین این دو منطقه می‌باشد.

بحث و نتیجه‌گیری

تمامی آلل های به‌دست‌آمده در این مطالعه در گونه موردبررسی پلیمورف بودند. بالا بودن حالت پلیمورفیک در لکوس های موردمطالعه را می‌تواند با نتایج مطالعات Brooker و همکاران (۲۰۰۰) وهمچنین Xu و همکاران (۲۰۰۱) در مطالعه بر روی ۶ لکوس میکروساتلایتی در میگوی ببری سیاه (*P.monodon*) و همچنین Ball و همکاران (۱۹۹۸) بر روی مطالعه در گونه *L. setiferus* (83%) مقایسه کرد. در این تحقیق ۶ آلل اختصاصی در دو جمعیت موردمطالعه در میگوی سفید هندی یافت شد که حداکثر آن در نمونه‌های منطقه جاسک در جایگاه‌های ژنی IND۱ ۳ آلل و حداقل آن در منطقه جاسک با ۱ آلل در جایگاه‌های ژنی IND۳ مشاهده گردید. برخی از محققین بر این باورند که توانایی تکنیک استفاده از میکروساتلات ها در آشکارسازی آلل‌های بی‌همتا جهت تفکیک درون جمعیتی و بین جمعیتی در میگوهای غیر پرورشی (دریایی) از نقاط قوت این‌گونه مارکر هاست و می‌توانند به‌عنوان یک ردیاب مناسب در شناسایی جریان ژنی در جمعیت‌های مختلف مورداستفاده قرار گیرد (Slatkin, 1985). این آلل‌های بی‌همتا می‌توانند در برنامه‌های تولیدمثلی همانند مولدسازی و همچنین دورگه گیری در میگوی سفید هندی در خلیج‌فارس و دریای عمان موردتوجه قرار گیرند. در این مطالعه اگرچه آلل‌های بی‌همتا به‌صورت فراوان در بین جمعیت‌های هدف دیده نشد، ولی همین مقدار نیز از پتانسیل مناسبی به‌عنوان یک ابزار اختصاصی در راستای برنامه‌های تولیدمثلی برخوردار است. این نگرش در استفاده از میکروساتلات‌ها برای آنالیز تنوع ژنتیکی در برنامه‌های تولیدمثلی و همچنین مطالعه بر روی جداسازی و ارائه لکوس‌های جدید میکروساتلایتی و کاربرد آن‌ها به‌عنوان مارکرهای ژنتیکی در مطالعه ژنتیکی میگوی *P. japonicus* استفاده‌شده است (Moore *et al*., 1999). معمولاً در ارزیابی تنوع ژنتیکی از شاخص‌هایی همچون هتروزیگوسیتی استفاده می‌شود و می‌توان از این شاخص در مطالعه ساختار ژنتیک جمعیت گونه‌های مختلف سود جست. این شاخص مبین طیف وسیعی از ژنو تیپ‌ها در ارزیابی سازش‌پذیری در شرایط مختلف محیطی

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-06-07]

است و بسیاری از خصوصیات مهم ازجمله رشد، مقاومت در مقابل بیماری‌ها و باروری را تحت تأثیر خود قرار می‌دهد. (Beardmore *et al*., 1997). در این مطالعه میزان هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده (Ho) بین مناطق نمونه‌برداری شده در مناطق موردبررسی کمتر از هتروزیگوسیتی قابل‌انتظار بود. بیشترین مقدار در لکوس IND۳ متعلق به منطقه گواتر (۰/۶۵) و کمترین آن متعلق به لکوس IND 2 در منطقه گواتر (۰/۳) ثبت شد. دامنه هتروزیگوسیتی قابل‌انتظار (He) نیز در میگوی سفید هندی بین ۰/۸۶۲ تا ۰/۵۰۱ ثبت شد که بیشترین هتروزیگوسیتی قابل‌انتظار متعلق به لکوس IND ۱ در منطقه جاسک (۰/۸۶۲) و کمترین آن متعلق به لکوس IND۳ در منطقه گواتر ۰/۵۰۱ ثبت گردید. این کاستی در هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده نسبت به هتروزیگوسیتی قابل‌انتظار ممکن است درنتیجه آمیزش درون جمعیتی و همچنین صید بی‌رویه و از دست رفتن زیستگاه‌ها برای تکثیر طبیعی و یا آمیزش‌های خویشاوندی به‌وسیله تکثیر مصنوعی در کارگاه‌ها تکثیر بوده که باگذشت زمان موجب کاهش آلل و کاهش هتروزایگوسیتی در ذخایر شده است. همچنین استرس وارد به جمعیت‌ها براثر برداشت بی‌رویه از مولدین میگوی سفید هندی (بخصوص در منطقه جاسک) جهت تکثیر در کارگاه‌های تکثیر ازجمله عوامل قابل‌تأمل در این زمینه می‌باشد.

از طرفی کاهش تنوع ژنتیکی (کاهش هتروزیگوسیتی قابل‌انتظار) آمادگی موجود را برای اکتساب بیماری و سایر فاکتورهای انتخابی را افزایش داده و درنتیجه میتوان انتظار داشت که در آینده کاهش در اندازه جمعیت را شاهد باشیم (Xu *et al*. 2001). Beardmore و همکاران (۱۹۹۷) بر این باورند که اگر هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده پایین‌تر از هتروزیگوسیتی قابل‌انتظار باشد باید به دنبال عواملی در جهت واگرایی جمعیتی نظیر آمیزش‌های درون جمعیتی بود. آن‌ها همچنین این نکته را متذکر می‌شوند که اگر هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده بالاتر از هتروزیگوسیتی قابل‌انتظار باشد این بدین معنی است که تغییرپذیری بالایی در جمعیت وجود داشته که می‌تواند ناشی از ترکیب دو جمعیت که قبلاً از هم جدا بوده‌اند باشد. همچنین در دو منطقه اکثریت لکوس‌های موردمطالعه خارج از تعادل بودند. در اکثر لکوس‌هایی که انحراف از تعادل در آن‌ها مشاهده گردید میزان هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده نسبت به هتروزیگوسیتی قابل‌انتظار پایین‌تر بود. چنین نتیجه‌ای می‌تواند ناشی از وجود آلل‌های نول (خنثی) باشد. وجود آلل‌های نول در ماهیان و دیگر آبزیان پدیده‌ای معمول بوده و وراثت‌پذیری آن‌ها در لکوس‌های میکروساتلایتی در میگو ازجمله میگوی *L. vannamei* توسط Wolfus و همکاران (۱۹۹۷) گزارش‌شده است و ایشان متذکر شده است که وجود آلل‌های نول می‌تواند در اثر رخ دادن موتاسیون‌های احتمالی در یک یا هر دو جایگاه پرایمر باشد. همچنین وراثت‌پذیری آلل‌های نول در لکوس‌های میکروساتلایتی در تاس ماهیان مانند تاس ماهی سفید و تاس ماهی دریاچه تائید شده است (Rodzen and May, 2002). آلل‌های نول آللهایی هستند که ضعیف تکثیر شوند و یا پس از تکثیر و تفکیک قابل‌رؤیت نباشند. وجود جهش در توالی‌های مجاور میکروستلایت ها (Flanking) از اتصال آغازگر جلوگیری کرده و درنتیجه هیچ فرآورده‌ای در PCR تولید نمی‌شود. البته کیفیت پایین DNA استخراجی و جهش در درون ترتیب مورد تکثیر نیز می‌توانند باعث ایجاد آلل‌های خنثی شوند. وجود آلل‌های خنثی موجب برآورد نادرست هتروزیگوسیتی در داخل یک جمعیت می‌گردد (Hansen, 2004). مقدار Fst (شاخص ثبات کل جمعیتی) بیانگر چگونگی شرکت تک‌تک جایگاه‌های ژنی در تمایز ژنتیکی بوده و بیانگر میزان تنوع ژنتیکی در اثر تفاوت‌های آللی در بین جمعیت‌هاست و به‌طور تئوری بین صفر و یک است. مقادیر به سمت یک نشان‌دهنده میزان تمایز جمعیت‌ها از یکدیگر است. مقدار کم Fst نشان‌دهنده پایین بودن پلیمورفیسم در جمعیت است. در حقیقت مقدار صفر نشان‌دهنده یک جمعیت پانمکتیک است که دو جمعیت دارای رابطه آمیزشی آزاد هستند و مقدار یک به معنای عدم وجود تنوع آللی بین جمعیت‌ها است و دو جمعیت کاملاً از هم جدا بوده و هیچ‌گونه جریان ژنی در بین جمعیت‌ها وجود ندارد (Holsinger *et al*., 2009). جریان ژنی (Gene flow) به انتقال ماده ژنتیکی در بین جمعیت‌ها اطلاق می‌شود که می‌تواند در اثر جابجایی مولدین و یا انتقال گامت ها باشد. معمول جریان ژنی به‌وسیله میزان مهاجرت بیان می‌گردد (m) و این مقدار بستگی به میزان جابجایی آللها در هر جمعیت برای هر نسل برمی‌گردد. (Avise 1994). با توجه به میانگین میزان Fst و Nm ثبت‌شده برای نمونه‌های متعلق به میگوی سفید هندی در مناطق جاسک و گواتر به نظر می‌رسد که این دو منطقه دارای تمایز ژنتیکی پایینی و جریان ژنی نسبتاً بالا در مولدین این دو منطقه است که این امر می‌تواند به علت مهاجرت آزاد مولدین بین مناطق یادشده باشد. برای تفسیر Fst پیشنهادشده است که مقدار بین صفرتا ۰/۰۵ نشان‌دهنده تمایز ژنتیکی پایین، مقدار ۰/۰۵ تا ۰/۱۵ تمایز متوسط و مقدار بین ۰/۱۵ تا ۰/۲۵ نشان‌دهنده تمایز بالا بین جمعیت‌ها و بالاتر از ۰/۲۵ تمایز

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-06-07]

خیلی بالا را نشان دهد (Wright, 1978). مقدار کم Fst نشان‌دهنده پایین بودن پلیمورفیسم در جمعیت است. در حقیقت مقدار صفر نشان‌دهنده یک جمعیت پانمکتیک است که دو جمعیت دارای رابطه آمیزشی آزاد هستند و مقدار یک به معنای عدم وجود تنوع آللی بین جمعیت‌ها است و دو جمعیت کاملاً از هم جدا بوده و هیچ‌گونه جریان ژنی در بین جمعیت‌ها وجود ندارد (Holsinger and Bruce 2009). مهاجرت عمودی در طول فاز پلاژیک زندگی لاروها، انتقال آن‌ها از طریق جریان‌های دریایی و همچنین ساختار هیدرو دینامیک منطقه بین تنگه هرمز و گواتر مکانیسمی است که معمولاً پست لاروها را به محل نوزاد گاه‌ها می‌برد (Ruzzante *et al*., 1998; Khorshidian, 2002). بنابراین این‌گونه جابجایی‌ها جریان ژنی را در جمعیت‌ها آسان ترکرده و می‌توانند موجب افزایش جریان ژنی بین جمعیت‌های گواتر و جاسک گردند. این‌گونه جابجایی از دیگر فاکتورهای که می‌تواند موجب افزایش در جریان ژنی بین دو مناطق موردبررسی شود الگوی حرکتی مولدین در فصل تخم‌ریزی است. Jakson و همکاران (۲۰۰۱) معتقدند که لاروهای متعلق به خانواده پناهیده می‌توانند در حدود ۱۰۰ کیلومتر بین محل تخم‌ریزی دور از ساحل و نوزادگاهای نزدیک به ساحل تردد نمایند که این امر می‌تواند یکی از عوامل مهم در ایجاد جریان ژنی بین مناطق موردبررسی باشد. این یافته‌ها می‌تواند در جهت مطالعه الگوی مهاجرتی در میان جمعیت‌های موردمطالعه کاربرد داشته باشد و بنابراین نقش مهمی را در مطالعات و یافتن ارتباط بین جمعیت‌ها و ذخایر این‌گونه ایفا نماید. با توجه به اختلاف ژنتیکی مشاهده‌شده، مدیریت برداشت از ذخایر این‌گونه در جهت حفظ ذخایر ژنتیکی این‌گونه اجتناب‌ناپذیر است و هرگونه برنامه بازسازی ذخایر و مولدسازی جهت تکثیر گونه میگوی سفید هندی می‌بایست با در نظر گرفتن ذخایر ژنتیکی این‌گونه انجام پذیرد.

سپاسگزاری

بدین‌وسیله از همکاران محترم در پژوهشکده اکولوژی خلیج‌فارس و دریای عمان و مرکز تحقیقات شیلاتی آب‌های دور که ما را در انجام این طرح تحقیق یاری و مساعدت کردند کمال تشکر راداریم.

منابع

زرشناس، غ. ع.، ۱۳۷۷. بررسی تولیدمثل و تغذیه طبیعی میگوی سفید هندی (*Penaeus indicus*) در منطقه جاسک. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه تربیت مدرس.

Avise, J. C., 1994. Molecular Markers, Natural History and Evolution. New York: Chapman & Hall P.207.

Baldwin, J. D., Bass A. L., Bowen, B. W. and Clark, W. C., 1998. Molecular phylogeny and biogeography of the marine shrimp Penaeus. Molecular Phylogenetics and Evolution, 10: 399-407.

Ball, A. O. Leonard, S. and Chapman, R. W., 1998. Characterization of (GT)n microsatellites from native white shrimp (*Penaeus setiferus*). Molecular Ecology 7:1247-1263.

Beardmore, J. A., Mair, G. C. and Lewis, R. I., 1997. Biodiversity in aquatic systems in relation to aquaculture. Aquaculture Research, 28: 829-939.

Benedict, A., and Mudjekeewis D. S., **2015.** Molecular markers for understanding shrimp biology and populations. Research Signpost 37/661 (2): 135-148.

Brooker, A. L., Benzie, J. A., H. Blair, D. and Versini J. J., 2000. Population structure of the giant tiger prawn *Penaeus monodon* in Australian waters determined using microsatellite markers. Marine Biology 136:149-157.

Chistiakov, D. A., Hellemans, B., Haley, C. S., Law, A. S.,Tsigenopoulos, C. S., Kotoulas, G. and Bertotto, D.and Hansen, M., 2004. Application of molecular markers in population and conservation Genetics with special emphasis on fishes. DSc thesis, 100 pp. Submitted to the faculty of natural Science, University of Aarhus.

Holsinger, K. E. and Bruce, S. W., 2009. Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting Fst. Nature Reviews Genetic, 10 (9): 639-650.

Jackson, J. C., Rothlisberg, P. C. and Pendrey, R. C., 2001. Role of Larval distribution and abundance in overall life-history dynamics, Marine Ecology Progress Series, 213: 241-252.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-06-07]

Khorshidian, K., 2002. Biological characteristics of commercially exploited penaeidae shrimp (*Penaeus semisulcatus*) in the north-western part of the Persian Gulf., Final Project, The United Nations University, PO Box 1390, Skulagata 4 120 Reykjavik, Iceland

Libertini, A. and Volckaert, F. A., 2005. A microsatellite linkage map of the European sea bass *Dicentrarchus Labrax* L. Genetics., 170: 1821- 1826

Liu, Z. J. and Cordes, J. F., 2004. DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. Aquaculture, 238: 1-37.

Maggioni, R., Rogers, A. D. and Maclean, N., 2003. Population structure of Litopenaeus schmitti (Decapoda: *Penaeidae*) from Brazilian coast identified using six polymorphic microsatellite loci. Molecular Ecology, 12: 3213-3217.

Moore, S.S. Whan, V., Davis, G., Byrne, K., Hetzel, D. J. S. and Preston, N., 1999. The development and application of genetic markers for the Kuruma prawn (*Penaeus japonicus*) and their use in parentage determination and linkage mapping. Aquaculture, 173:19-32.

Niamaimandi, N., 2006. Bio-Dynamics and Life Cycle of Shrimp (*Penaeus semisulcatus*), in Bushehr Coastal Waters of the Persian Gulf. PhD thesis, Universiti Putra Malaysia.

Rodzen, J. A. and May, B., 2002. Inheritance of microsatellite loci in the white sturgeon (*Acipenser transmontanus*). Genome., 54: 1064 – 1076.

Ruzzante, D. E., Taggart, C. T. and Cook, D., 1998. A nuclear DNA basis for shelf-and bank-scale opulation structure in northwest Atlantic cod (*Gadus morhua*). Molecular Ecology, 7: 1663-1680.

Slatkin, M. 1985. Rare alleles as indicators of gene flow. Evolution, 39: 53-65

Taggart, J. B., hynes, R. A., Prodohal, P. A. and Ferguson, A., 1992. A simplified protocol for routine total DNA isolation from salmonid fishes. Journal of Fish Biology, 40: 963-965.

Tamadoni Jahromi, S. and Othman, A. S., 2011. Isolation and characterization of novel microsatellite loci in Green Tiger shrimp (*Penaeus semisulcatus*). International Journal of Life Science and Pharma Research, 1:121-125.

Vanavichit, A., Wuthisuthimethavee, S., Taechayinkphibool, D., Kruttho, P., Lumubol, P. and Tragoonrung, S., 1998. Development of simple sequence length polymorphisms in the black tiger shrimp (*Penaeus monodon*). The Fifth Asian Fisheries Forum International Conference on Fisheries and Food Security Beyond the Year 2000, Chiang Mai, Thailand.

Wolfus, G., Garcia, D. K. and Alcivar-Warren, A., 1997. Application of the microsatellite technique for analyzing genetic diversity in shrimp breeding programs. Aquaculture, 152: 35-47.

Wright, S., 1978. Evolution and Genetics of Population, Variability Within and Among Natural Populations. The University of Chicago Press, Chicago.

Xu, Z. K., Primavera, J. H., de la Pena, L. D., Pettit, P., Belak, J. and Alcivar-Warren, A., 2001. Genetic diversity of wild and cultured Black Tiger shrimp (Penaeus monodon) in the Philippines using microsatellites. Aquaculture, 199:13-40.

[Downloaded from jmb.ahvaz.iau.ir on 2026-06-07]