مجله علوم و فنون شیلات
نسخه ویژه خلیج فارس
دوره ۱۰ شماره ۲، بهار ۱۴۰۰، صفحات ۲۱۳ تا ۲۲۶

شاخص‌های ژنتیکی نسل‌های مختلف مولدین پرورشی میگوی سفید غربی (*Litopenaeus vannamei* Boone, 1931) در مراکز تکثیر واقع در سواحل خلیج فارس استان بوشهر

محمد خلیل پذیر[1*]، سید احمد قاسمی[2]، مریم میربخش[3]

۱- پژوهشکده میگوی کشور، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی (AREEO)، بوشهر، ایران
۲- گروه بیوتکنولوژی، پژوهشکده خلیج فارس، دانشگاه خلیج فارس بوشهر، ایران
۳- موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی (AREEO)، تهران، ایران

چکـــیده

هدف از انجام این مطالعه شناسایی جمعیت‌های مختلف مولدین میگوی سفید غربی پرورشی (*Litopenaeus vannamei*) و تأثیر آمیزش‌های خویشاوندی و غیر خویشاوندی بر روی شاخص‌های ژنتیکی و ضریب هم‌خونی نتاج حاصل از آنها در نسل دوم بود. با توجه به منشاء مولدین نگهداری شده در مراکز تکثیر استان بوشهر با استفاده از روش ریزماهواره‌ای، پس از شناسایی جمعیت‌های مختلف از میان سه ذخیره مولوکائی، های‌هلث و هیبرید در نسل اول، شاخص‌های ژنتیکی نتاج حاصل از آمیزش‌های درون و برون گروهی آنها در نسل‌های دوم بررسی شد. نتایج نشان داد که میزان تنوع ژنتیکی در ذخیره‌های مولوکائی و های‌هلث (۴۶/۰۹±۰/۰ و ۰/۰۷±۰/۵۰) بیشتر از ذخیره هیبرید (۳۸/۰۶±۰/۰) می‌باشد. میزان ضریب هم‌خونی ذخیره‌های مولوکائی، های‌هلث و هیبرید به ترتیب ۰/۱۴، ۰/۳۱ و ۰/۴۱ بود. لیکن به دلیل فاصله ژنتیکی کم میگوهای ذخیره هیبرید و مولوکائی پس از ادغام آنها با همدیگر دو جمعیت مولوکائی، های‌هلث به عنوان مولدین نسل اول معرفی شدند. در نسل دوم علیرغم بیشتر بودن میزان تنوع ژنتیکی در نتاج حاصل از آمیزش‌های برون گروهی مولوکائی×های‌هلث (۰/۱۲±۰/۴۷) و های‌هلث×مولوکائی (۰/۰۸±۰/۳۹) نسبت به نتاج آمیزش‌های درون گروهی مولوکائی×مولوکائی (۰/۰۴±۰/۱۹) و های‌هلث×های‌هلث (۰/۰۳±۰/۱۱) این مقادیر در مقایسه با نسل اول کاهش یافته بود. کمترین و بیشترین میزان ضریب هم‌خونی به ترتیب مربوط به نتاج مولوکائی×های‌هلث (۰/۱۸±۰/۲۶۸) و مولوکائی×مولوکائی (۰/۱۴۵±۰/۸۵۳) بود. با توجه به نتایج بدست آمده می‌توان عنوان نمود که عدم اطلاع از شاخص‌های ژنتیکی مولدین و آمیزش‌های صورت گرفته میان افراد خویشاوند عوامل اصلی کاهش شاخص‌های ژنتیکی و پسروی ژنتیکی ناشی از افزایش ضریب هم‌خونی در نسل‌های بعدی می‌باشند.

کـــلید واژه‌ها: میگوی سفید غربی، تنوع ژنتیکی، ضریب هم‌خونی، خلیج فارس

نوع مقـاله

مقاله پژوهشی اصیل

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۲/۲۰
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۲/۲۵
تاریخ چاپ الکترونیکی: ۱۴۰۰/۳/۱۰

***نویسنده مسول:**
dr.pazir@gmail.com

مقدمه

میگو مهمترین کالای شیلاتی در تجارت بین المللی غذاهای دریایی در جهان است که ارزش آن در میان محصولات شیلاتی ۱۵ درصد می‌باشد [۱]. صنعت میگو در دهه‌های گذشته رشد چشمگیری داشته و انتظار می‌رود این رشد تا سال‌های آینده ادامه یابد. بطور کل میگوی سفید غربی تقریبا ۷۸ درصد از کل تولید میگو در جهان را تأمین می کند[۲]. با توجه به شیوع بیماری لکه سفید در کشور، در طی سال‌های ۸۴-۱۳۸۳، میگوی سفید غربی (*Litopenaeus vannamei*) با هدف ایجاد تنوع گونه‌ای و مقابله با مشکلات بوجود آمده ناشی از شیوع بیماری لکه سفید توسط

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]
[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور با منشاء موسسه انستیتو اشنیک (The Oceanic Institute) واقع در جزیره هاوایی اقیانوس آرام و طی سال‌های ۸۴ تا ۹۶ با منشاء مولوکائی (Molokai) تأمین شده از کمپانی مولوکائی برودستوک (Molokaei Broodstock Company)، کانابای (kona bay) و میگوهای های‌هلث تولید شده در دانشگاه هونولولو (University honolulu) جزیره هاوایی با عنوان مولدین های‌هلث (High Health) توسط فعالین بخش خصوصی به صنعت میگوی کشور معرفی گردید[۳]. امروزه میگوی سفید غربی به عنوان گونه نخست پرورشی کشور بطور کامل جایگزین میگوی سفید هندی (*Penaeus indicus*) شده است. شایان ذکر است که بر اساس آخرین آمار ارائه شده توسط سازمان شیلات ایران در سال ۱۳۹۹ میزان تولید این گونه پرورشی در کشور بالغ بر ۴۷ هزار تن بوده است که ارزش صادرات این محصول بالغ بر ۲۲۰ هزار دلار بر آورد شده می‌باشد[۴]. در حال حاضر به دلیل عدم دسترسی به ذخائر مولدین وحشی از جمله قوانین محدود کننده صادرات و واردات موجودات آبزی و هزینه‌های هنگفت واردات مولدین از کشورهای مبدأ، تولید و عرضه پست لاروها در مراکز تکثیر استان بوشهر با استفاده از مولدین پرورش داده شده در محیط‌های محصور انجام می‌گیرد. شواهد حاکی از آن است که به دلیل انتخاب‌های نادرست صورت گرفته میان پیش مولدین جمع آوری شده از مزارع پرورش میگو، کاهش معنی داری در میزان تنوع ژنتیکی میگوهای سفید غربی بوجود آمده است [۵] به طوریکه مطالعات صورت گرفته توسط Gjedrem و Akvaforsk (۲۰۰۵) [۶] در کشور برزیل حاکی از آن بود که کاهش ایجاد شده در میزان تنوع ژنتیکی میگوهای سفید غربی ناشی از تکثیرهای درون گروهی (inbreeding) و افزایش ضریب همخونی بوده است که این موضوع موجب کاهش میزان رشد، بازماندگی، تولید مثل و توانایی در سازش آنها با تغییرات محیطی شده بود، همچنین عنوان شده که یک رابطه معنی داری میان کاهش تنوع ژنتیکی و کاهش تولید مثل مولدین میگوی سفید غربی وجود دارد [۷]. در مطالعه صورت گرفته بر روی لاین های نزدیک به هم در میگوی آبی (*L. Stylirostris*) که مدت زمان طولانی در محیط‌های محصور نگهداری شده بودند به دلیل افزایش درون آمیزی صورت گرفته علاوه بر کاهش رشد، میزان تولید و تنوع ژنتیکی میگوها به شدت کاهش یافته بود [۸]. آنها عنوان نمودند که با توجه به کاهش سطح تنوع ژنتیکی منجر به کاهش میزان رشد و افزایش حساسیت به عوامل بیماریزا می گردد لذا شناسایی جمعیت های میگوی آبی و استفاده از میگوهای عاری از هر گونه بیماری همراه با اجرای برنامه های به گزینی و تولید لاین از جمله راهکارهای ارائه شده جهت جلوگیری از کاهش میزان تنوع ژنتیکی است. از این رو باید تا حد امکان از درون آمیزی میان افراد یک خانواده بویژه زمانیکه میگوها تحت شرایط استرس‌زا پرورش داده می شوند جلوگیری به عمل آید، لذا میزان درون آمیزی در یک جمعیت نمی‌بایست به بیش از ۱۰ درصد افزایش یابد [۹]. با توجه به عدم واردات مولد به کشور و پرورش مولدین در محیط‌های محصور مراکز تکثیر با استفاده از پست لاروهای تولید شده، این احتمال وجود دارد که به دلیل انتخاب‌های نادرست صورت گرفته و عدم آگاهی از اطلاعات ژنتیکی ذخیره‌های مختلف میزان شاخص‌های ژنتیکی بعد از گذشت چند نسل به شدت کاهش پیدا کند. از این رو در این مطالعه سعی شده تا میزان شاخص‌های ژنتیکی در نسل‌های مختلف پیش مولدین میگوی سفید غربی و تأثیر نحوه به‌گزینی صورت گرفته و آمیزش‌های درون گروهی (Inbreeding) و برون گروهی (Cross-breeding) بر روی میزان پسروی ژنتیکی ناشی از افزایش ضریب هم‌خونی در پیش مولدین پرورش یافته در محیط‌های محصور مورد بررسی قرار گیرد.

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

مواد و روش‌ها

در این مطالعه شاخص‌های ژنتیکی نسل‌های مختلف مولدین میگوهای سفید غربی نگهداری شده در مرکز تکثیر بندرگاه استان بوشهر وابسته به پژوهشکده میگوی کشور مورد بررسی قرار گرفتند. در نسل اول بر اساس اطلاعات مربوط به تاریخچه نگهداری مولدین در مراکز تکثیر استان بوشهر و منشاء آنها، با هدف شناسایی جمعیت‌های مختلف میگوی سفید غربی سه ذخیره مختلف مولوکائی (M)، های‌هلث (H.H) و هیبرید (Hybrid) یا میگوهای حاصل از تلاقی مولدین مولوکائی و های‌هلث در مراکز تکثیر جمع آوری‌شد، سپس با استفاده از روش ریزماهواره‌ای، شاخص‌های ژنتیکی جمعیت‌های مختلف از همدیگر تفکیک گردیدند و در نسل‌های دوم پس از آمیزش درون گروهی و برون گروهی میان مولدین نر و ماده دو جمعیت شناسایی شده در نسل اول، میزان شاخص‌های ژنتیکی نتاج حاصل از آمیزش‌های صورت گرفته در نسل دوم مورد بررسی قرار گرفتند. به منظور انجام مطالعات مولکولی در هر نسل از هر ذخیره، نمونه‌گیری از عضله پای شنای ۳۰ قطعه میگو در مجاورت الکل ۷۰ درصد صورت گرفت. استخراج ماده ژنتیکی DNA نمونه‌ها بر اساس روش CTAB انجام شد [۱۰]. روش کار به اختصار به این صورت بود که بعد از جدا سازی ۵۰ میلی‌گرم از بافت عضله و افزودن محلول CTAB (Conventional Cetyl Trimethylammonium Bromide) ۲ درصد و پروتئیناز K بعد از هموژنیزه نمودن، نمونه‌ها به مدت ۳-۲ ساعت تا زمان حل شدن قطعات بافتی در درجه حرارت ۵۶ درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. سپس با افزودن محلول کلروفرم و فنل با نسبت ۲۴ به ۱ و شستشو با اتانول ۷۰ درصد استخراج DNA صورت گرفت. کیفیت و کمیت DNA های استخراج شده به ترتیب براساس وجود یا عدم وجود باند از ژل آگاروز ۱ درصد و نانودراپ مدل A&E Lab در طول موج‌های ۲۶۰، ۲۸۰ نانومتر و نسبت $\frac{۲۶۰}{۲۸۰}$ نانوگرم بر میکرولیتر مورد بررسی قرار گرفتند [۱۱].

تکثیر توالی‌های تکراری DNA های نمونه‌های استخراج شده از طریق واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (Polymerase Chain Reaction) با استفاده از ۱۲ جفت نشانگر اختصاصی پلی مورفیک میگوی سفید غربی ساخته شده توسط شرکت متابیون آلمان به سفارش شرکت سهامی خاص روبین طب صورت پذیرفت [۱۲-۱۵](جدول ۱).

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

جدول ۱. توالی نشانگرهای استفاده شده در تکثیر توالی‌های تکراری ریزماهواره‌ای میگوهای سفید غربی (*L.vannamei*).

ردیف	پرایمر	توالی (`3→`5)	جفت باز
۱	Lvan01	F: GCCATAAACGCAAGACTGAG	۱۳۶–۱۴۶
		R: GCAGGTATACGGTCATGTGTA	
۲	Lvan07	F: AAAGAGGAAGATGAGGAAG	۱۸۹–۲۲۳
		R: CCTCGGTTACGTATTTATTG	
۳	Pvan0013	F: TGCTCTGGTAACGACAAACG	۲۷۶–۲۸۴
		R: AGACCTGTGGCGAAGTGC	
۴	Pvan1758	F: TATGCTCGTTCCCTTTGCTT	۱۶۳–۱۸۹
		R: TTGAAGGAAAAGTGTTGGGG	
۵	Pvan1815	F: GATCATTCGCCCCTCTTTTT	۱۲۶–۱۴۱
		R: ATCTACGGTTCGAGAGCAGA	
۶	TUMXLv5.27	F: CAGACCCTAAATCTCCGTGC	۱۶۶–۱۸۲
		R: TGGAAAGGTCAGAGGTCACG	
۷	TUMXLv5.38	F: CCTTTATGACTTCCCCCGAC	۲۰۰–۲۲۲
		R: CCGTACAGAAACGGAACGTC	
۸	TUMXLv8.32	F: TTACCGCCTAAGAGCGAATG	۲۱۶–۲۲۸
		R: TGTCCTTTCGTACCAGTCAAG	
۹	M1	F: GTGTGTTGCGGAATCGAA	۲۱۰–۲۱۷
		R: CTAACCCAATATCGAATC	
۱۰	TUDGLv5-7.33	F: TGCTAGAATGTCTTTCGAAG	۱۱۵–۱۲۶
		R: GTCTGGGGAAATCTTTAATG	
۱۱	TUDGLv7-9.17	F: ATGGTGAATATAAGGAAGCT	۸۹–۹۱
		R: TGTGATATGGTTTTTGGAG	
۱۲	TUDGPv3-5.378	F: TCGGAAGGTGTCTTTCCAAAC	۱۸۰–۱۸۶
		R: AGGAAACCTATCATCGCCGT	

در این مطالعه از دستگاه ترموسایکلر مدل Corrbet جهت تکثیر توالی‌های تکرار شونده DNA (ماکروساتلایت) استفاده شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمراز به ازای هر نمونه در حجم ۲۵ میکرولیتر حاوی ۱۲/۵ میکرولیتر مخلوط واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR Master Mix-Ampliqon)، ۱ میکرولیتر از هر نشانگر اختصاصی پیشرو و پسرو با غلظت ۱۰ پیکومول (جدول ۱)، ۹/۵ میکرولیتر آب مقطر دیونیزه و ۱ میکرولیتر DNA با غلظت ۵۰ نانوگرم بر میکرولیتر تهیه شد. تکثیر نشانگرها توسط دستگاه ترموسایکلر از سه مرحله تشکیل شده بود، مرحله اول شامل واسرشت شدن اولیه (Pre denature) در درجه حرارت ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت ۳ دقیقه برای یک چرخه، مرحله دوم شامل واسرشت شدن (Denature) در ۹۴ درجه سانتیگراد، اتصال به قطعه هدف (Anneealing) در درجه حرارت ۶۰–۵۴ درجه سانتیگراد و بسط شدن (Extraction) در درجه حرارت ۷۲ درجه سانتیگراد هر کدام به مدت ۳۰ ثانیه برای ۳۰ چرخه تنظیم گردید. در انتها بسط نهایی (Final Extraction) در درجه حرارت ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۵ دقیقه در یک چرخه صورت پذیرفت. بعد از تزریق ۵ میکرولیتر محصول PCR

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

به درون چاهک‌های ایجاد شده بر روی ژل پلی آکریل آمید ۶ درصد همراه با نشانگر استاندارد ۳۰۰۰-۱۰۰ جفت باز (Base pair)، پس از ران نمودن دستگاه الکتروفورز عمودی مدل Amersham Se600 به مدت ۲ ساعت ۳۰ دقیقه، و رنگ آمیزی ژل پلی آکریل آمید با نیترات نقره ۰/۱ درصد، طول هر باند با توجه به طول نشانگر استاندار محاسبه شد [۱۶]. در ادامه با استفاده از نرم افزار Gene Alex (ver. 6) برای هر نشانگر مقادیر فراوانی آلل های مؤثر و واقعی، هتروزیگوسیتی مورد انتظار، هتروزیگوسیتی مشاهده شده، ماتریکس شباهت و فاصله ژنتیکی [۱۷]، تعادل هاردی–واینبرگ، تفاوت ژنتیکی (Fst)، جریان ژنی، ضریب هم خونی (Fis) تعیین شد [۱۸]. همچنین میزان آلل‌های نول با استفاده از نرم افزار Micro-Checker (ver. 2.2.3) مشخص گردید. درخت موضع شناسی تکاملی بین نمونه‌ها براساس فاصله ژنتیکی با استفاده از نرم افزار TFPGA ترسیم شد. در پایان مطالعه با توجه به مستقل بودن ذخیره‌های مختلف از یکدیگر اختلاف هتروزیگوسیتی مشاهده شده با هتروزیگوسیتی قابل انتظار و ضریب هم خونی ذخیره‌های مختلف میگو از طریق آزمون t-test مستقل با سطح اطمینان ۹۵ ، مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفتند.

نتایج

شاخص‌های ژنتیکی مولدین نسل اول

نتایج حاصل از بررسی میزان تنوع ژنتیکی مولدین میگوی سفید غربی سه ذخیره بررسی شده در نسل اول نشان داد که دامنه هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho) در جمعیت‌های هیبرید (H)، های‌هلث (H.H) و مولوکائی (M) به ترتیب ۰/۷-۰/۱۱، ۰/۸۵-۰/۱۶ و ۰/۹-۰/۲۱ بود، و حداکثر و حداقل هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) در جمعیت‌های فوق به ترتیب ۰/۸۵-۰/۴۳، ۰/۸۲-۰/۴۸ و ۰/۸۳-۰/۱۹ محاسبه شد. همچنین مقادیر هتروزیگوسیتی مشاهده شده در دو ذخیره هیبرید و های‌هلث بطور معنی داری کمتر از مقادیر مرتبط با هتروزیگوسیتی مورد انتظار بود ($P>0.05$). با این وجود علیرغم کمتر بودن میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده نسبت به هتروزیگوسیتی مورد انتظار در جمعیت مولوکائی هیچگونه تفاوت معنی دار آماری مشاهده نشد ($P>0.05$).

بیشترین تعداد آلل واقعی (Na) مشاهده شده در ذخیره‌های هیبرید، های‌هلث هر کدام با ۹ و در ذخیره مولوکائی با میزان ۸ همگی مربوط به نشانگر Lvan07 بود. با این وجود دامنه آلل‌های واقعی مشاهده شده در سه ذخیره مورد بررسی در دامنه ۹ – ۲ قرار داشت. در رابطه با آلل های مؤثر (Ne) نتایج نشان داد که حداکثر و حداقل آن در ذخیره‌های هیبرید، های‌هلث و مولوکائی به ترتیب ۵/۶-۱/۷۶، ۵/۵۵-۱/۹۳ و ۵/۸۸-۱/۲ می‌باشد. از سوی دیگر فراوانی آلل های واقعی در سطح بیشتر از ۵ درصد (5% ≥) در ذخیره‌های هیبرید، های هلث و مولوکائی به ترتیب ۴/۸۷±۰/۶۶، ۴/۷۵±۰/۵۹ و ۳/۸۷±۰/۵۸ بود. میزان آلل‌های اختصاصی برای ذخیره‌های هیبرید، های‌هلث به ترتیب ۰/۳۷±۰/۱۸، ۰/۷۵±۰/۳۶ بود لیکن هیچگونه آلل اختصاصی برای ذخیره مولوکائی مشاهده نشد. با این وجود فراوانی آلل های اختصاصی در سطوح بیشتر از ۲۵ (25% ≥) و ۵۰ درصد (50% ≥) صفر بود، لیکن هیچگونه تنوعی بالاتر از این اعداد مشاهده نشد (جدول ۲.).

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

جدول ۲. آلل های اختصاصی و فراوانی آن‌ها ذخیره‌های هیبرید و های‌هلث در نشانگرهای مختلف.

جمعیت	نشانگر	آلل اختصاصی	فراوانی
هیبرید (H)	Pvan 1815	۴	۰/۲۲۵
	TUMXLv 5.27	۶	۰/۱۰۰
	TUMXLv 8.32	۸	۰/۱۰۵
های هلث (H.H)	Lvan 07	۱۱	۰/۰۷۵
	Pvan 0013	۴	۰/۴۵۰
	Pvan 1758	۱	۰/۱۲۵
	Pvan 1758	۲	۰/۲۷۵
	Pvan 1758	۳	۰/۱۵۰
	TUMXLv 8.32	۲	۰/۰۲۵

بررسی ضریب هم خونی نشان داد که مجموع این ضریب در ذخیره‌های مورد بررسی به دلیل کاهش میزان تنوع ژنتیکی (هتروزیگوسیتی) مثبت می‌باشد. بطوریکه این مقادیر در سه ذخیره هیبرید، های‌هلث و مولوکائی به ترتیب ۰/۴۱۲، ۰/۳۱۴ و ۰/۱۴۵ مشاهده شد. با این وجود در ذخیره‌های هیبرید و های‌هلث به ترتیب در دو نشانگر Pvan0013 و TUMXLv 5.27 و در ذخیره مولوکائی در چهار نشانگر Pvan0013، Pvan 1815، TUMXLv 5.27 و TUMXLv 5.38 این میزان منفی گردید.

همچنین میزان تمایز ژنتیکی موجود میان جمعیت‌های مختلف حاکی از وجود یک تمایز ژنتیکی پائین تا متوسط بود. به گونه‌ای که یک تمایز ژنتیکی کاملاً معنی دار میان ذخیره‌های های هلث و مولوکایی با ۰/۱۸۲ در سطح متوسط وجود داشت ($P<0.01$). این در حالی بود که تمایز ژنتیکی موجود بین ذخیره‌های های‌هلث و هیبرید و هیبرید و مولوکائی به ترتیب با میزان ۰/۱۳۵ و ۰/۱۱۷ بطور معنی‌داری در سطح پائین تمایز ژنتیکی قرار داشت ($P<0.01$). در رابطه با مقادیر جریان ژنی (ارتباطات ژنیتکی)، بیشترین و کمترین میزان به ترتیب میان ذخیره‌های هیبرید و مولوکائی و ذخیره‌های های‌هلث و مولوکائی بود و بیشترین و کمترین میزان فاصله ژنیتکی به ترتیب میان ذخیره‌های های‌هلث و مولوکائی و ذخیره‌های هیبرید و مولوکائی و بیشترین شباهت ژنتیکی نیز میان ذخیره‌های هیبرید و مولوکائی مشاهده شد (جدول ۳).

جدول ۳. مقادیر فاصله موجود در میان جفت جمعیت‌های مورد مطالعه.

جمعیت	فاصله ژنتیکی	
	هیبرید	های هلث
های هلث	۰/۵۱۲	
مولوکائی	۰/۳۵۷	۰/۶۱۵

براساس آزمون مربع کای ($\chi 2$) در هر سه ذخیره هیبرید، های‌هلث و مولوکائی در نشانگرهای مختلف ریزماهواره انحراف از تعادل هاری واینبرگ مشاهده شد ($P<0.05$*, $P<0.01$ **, $P<0.001$ ***). به استثنای نشانگر Pvan 0013 در ذخیره هیبرید، نشانگرهای TUMXLv 5.38 و TUMXLv 8.32 در ذخیره های‌هلث و نشانگرهای Pvan 0013، Pvan 1815، TUMXLv 5.27 و TUMXLv 5.38 در ذخیره مولوکائی که هیچگونه اختلاف معنی دار آماری مشاهده نشد.

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

شناسایی جمعیت‌های مختلف و به‌گزینی مولدین نسل اول

با توجه به تمایز ژنتیکی پائین، فاصله ژنتیکی کم و شباهت ژنتیکی بالای مولدین ذخیره مولوکائی و هیبرید در مقایسه با مولدین های‌هلث، با هدف کاهش آمیزش‌های خویشاوندی در مولدین نسل اول و بهبود شاخص‌های ژنتیکی در نتاج نسل دوم این دو ذخیره به عنوان جمعیت اول و ذخیره های‌هلث به عنوان جمعیت دوم در نظر گرفته شدند و نتاج آنها در نسل دوم حاصل آمیزش‌های صورت گرفته میان مولدین نر و ماده دو جمعیت فوق بصورت درون گروهی (Inbreeding) و برون گروهی (Cross-breeding) بود.

شاخص‌های ژنتیکی مولدین نسل دوم

نتایج حاصل از بررسی میزان تنوع ژنتیکی میگوهای چهار نتاج نسل دوم حاکی از این بود که دامنه هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho) و مورد انتظار (He) در نتاج حاصل از آمیزش مولوکائی (نر) × های‌هلث (ماده) (M.H)، های‌هلث (نر) × مولوکائی (ماده) (H.M)، های‌هلث (نر) × های‌هلث (ماده) (H.H) و مولوکائی (نر) × مولوکائی (ماده) (M.M) به ترتیب ۰/۷۹–۰/۱۱، ۰/۴۳–۰/۰۴، ۰/۳۸–۰/۰۰، ۰/۴۵–۰/۰۰ و ۰/۷۶–۰/۵۰، ۰/۸۲–۰/۴۸، ۰/۷۷–۰/۵۰، ۰/۷۸–۰/۶۰ بود. آنالیز آماری نشان داد که مقادیر هتروزیگوسیتی مشاهده شده در سه نتاج میگوی نسل دوم بطور معنی داری کمتر از مقادیر مرتبط با هتروزیگوسیتی مورد انتظار بود **Error! Reference source not found.**($P>0.05$). لیکن در میگوهای نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) علیرغم کمتر بودن میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده نسبت به قابل انتظار این مقدار غیر معنی دار بود.

بیشترین تعداد آلل واقعی (Na) در نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) با ۹ آلل در مقایسه با حداکثر ۷ آلل در سه نتاج دیگر (مربوط به نشانگرهای M1 و TUDGLv5-7.33) مشاهده شد. همچنین دامنه آلل واقعی در نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) در فاصله ۹ – ۳ و در سه نتاج دیگر در دامنه ۸–۲ قرار داشت. در رابطه با آلل های مؤثر (Ne) نتایج نشان داد که حداکثر و حداقل آن در چهار نتاج فوق به ترتیب ۶/۲۹–۲/۰۲، ۵/۸۴–۱/۹۲ ، ۴/۲۸–۲ و ۴/۱۲–۱/۹۸ بود. همچنین بیشترین فراوانی آللی در سطح بیشتر از ۵ درصد ($5\% \leq$) در نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) با ۰/۴۵±۴/۵۹ مشاهده شد لیکن این مقدار در نتاج های‌هلث × مولوکائی (H.M)، های‌هلث × های‌هلث (H.H) و مولوکائی × مولوکائی (M.M) به ترتیب ۰/۳۹±۴/۱۷، ۰/۴۰±۳/۷۵ و ۰/۵۳±۳/۱۷ بود. با این وجود بعضی از آلل‌ها در جایگاه‌های مختلف برای نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) با میزان ۰/۲۸±۰/۶۷ اختصاصی بودند لیکن در سه ذخیره دیگر هیچگونه آلل اختصاصی مشاهده نشد (جدول ۴).

جدول ۴. آلل های اختصاصی و فراوانی آن‌ها نتاج مولوکائی × های‌هلث در جایگاه‌های مختلف

جمعیت	جایگاه	آلل اختصاصی	فراوانی
مولوکائی × های‌هلث (M.H)	Pvan 0013	۵	۰/۰۵۶
	Pvan 1758	۵	۰/۱۹۶
	Pvan 1815	۴	۰/۵۳۴
	Pvan 1815	۵	۰/۱۰۳
	Pvan 1815	۶	۰/۰۳۴
	TUMXLv 5.38	۱	۰/۰۶۷

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

	TUMXLv 5.38	۲	۰/۰۳۳
	M1	۲	۰/۰۵۰

بطورکلی ضریب هم خونی مشاهده شده در چهار نتاج نسل دوم مثبت شده بود. لیکن در نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) با میزان ۰/۲۶۸±۰/۱۸۵ در نشانگرهای ۲، ۵، ۱۰، ۱۲، به دلیل افزایش میزان تنوع ژنتیکی نتاج های‌هلث × مولوکائی (H.M) با میزان ۰/۷۳۲±۰/۱۰۱ در نشانگرهای ۶، ۷، ۱۰، نتاج های‌هلث × های‌هلث (H.H) با میزان ۰/۸۱۷±۰/۱۰۸ در نشانگرهای ۶، ۸ ، ۱۰ و در نتاج مولوکائی × مولوکائی با میزان ۰/۸۵۳±۰/۱۴۵ تنها در نشانگر ۲ مقادیر ضریب هم خونی منفی شده بود.

نتایج حاصل از تمایز ژنتیکی میان نتاج نسل دوم حاکی از وجود یک تمایز ژنتیکی پائین تا متوسط بود. به گونه‌ای که تمایز ژنتیکی موجود میان نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) با های‌هلث × مولوکائی (H.M) با میزان ۰/۱۰۱ بطور معنی داری در سطح متوسطی قرار داشت (P<0.001). همچنین تمایز ژنتیکی موجود میان نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) با های‌هلث × های‌هلث (H.H) و های‌هلث × مولوکائی (H.M) با های‌هلث × های‌هلث (H.H) به ترتیب با میزان ۰/۱۱۰ و ۰/۰۳۴ بطور معنی داری در سطوح متوسط و پائینی از تمایز ژنتیکی بود (P<0.001) (جدول ۵).

جدول ۵. مقادیر تمایز ژنتیکی ذخیره‌های مختلف نسل دوم

ذخیره	M.H	H.M	H.H	M.M
M.H	۰/۰۰۰			
H.M	۰/۱۰۱	۰/۰۰۰		
H.H	۰/۱۱۰	۰/۰۳۴	۰/۰۰۰	
M.M	۰/۰۳۳	۰/۰۳۴	۰/۰۴۴	۰/۰۰۰

بیشترین میزان فاصله ژنیتکی میان نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) با نتاج های‌هلث × های‌هلث (H.H) و کمترین میزان میان نتاج های‌هلث × مولوکائی (H.M) با های‌هلث × های‌هلث (H.H) وجود داشت (جدول ۶).

جدول ۶. مقادیر فاصله موجود در میان جفت جمعیت‌های مورد مطالعه

ذخیره	M.H	H.M	H.H	M.M
M.H	۰/۰۰۰			
H.M	۰/۵۱۸	۰/۰۰۰		
H.H	۰/۵۳۶	۰/۱۳۳	۰/۰۰۰	
M.M	۰/۱۵۴	۰/۱۴۵	۰/۱۷۷	۰/۰۰۰

انحراف از تعادل هاردی–واینبرگ

براساس آزمون مربع کای($\chi 2$) در هر چهار نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H)، های‌هلث × مولوکائی (H.M)، های‌هلث × های‌هلث (H.H) و مولوکائی × مولوکائی (M.M) در جایگاه‌های مختلف ریزماهواره انحراف از تعادل هاری واینبرگ مشاهده شد (*P<0.05, ** P<0.01,

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

(P<0.001 ***. به استثنای جایگاه ۱ و ۵ در نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H)، جایگاه‌های ۵ و ۷ در نتاج های‌هلث × مولوکائی، جایگاه‌های ۶، ۷ و ۸ در نتاج های‌هلث × های‌هلث و جایگاه ۵ در نتاج مولوکائی × مولوکائی هیچگونه اختلاف معنی دار آماری مشاهده نشد.

بحث

علیرغم غیربومی بودن میگوی سفید غربی امروزه این گونه به عنوان گونه نخست پرورشی کشور محسوب می‌گردد، لیکن با تولید مولدین اصلح و به‌گزین شده در مراکز تکثیر می‌توان تا حدود زیادی از پسروی ژنتیکی ناشی از هم‌خونی در اثر آمیزش‌های خویشاوندی و انتخاب‌های نادرست از طریق شناسایی جمعیت‌های مختلف این گونه در مراکز تکثیر پیشگیری نمود. بررسی‌های بدست آمده در کشور حاکی از آن بوده که روند انتخاب مولدین پرورشی در مراکز تکثیر میگوی استان بوشهر بیشتر بر اساس صفت رشد می‌باشد بطوریکه در این روش میگوهایی انتخاب می‌شوند که در زمان کوتاه‌تری به حداکثر رشد خود رسیده باشند [۵]. این نحوه انتخاب مولد علاوه بر اینکه باعث از بین رفتن شانس مشارکت میگوهای با وزن کمتر در تولید نتاج بعدی می‌گردد می‌تواند با حذف بسیاری از آلل‌های مؤثر نیز همراه شود [۱۹، ۲۰]. با توجه به عدم اجرای برنامه‌های به‌گزینی مولدین در مراکز تکثیر کشور از ابتدای معرفی این گونه و وابستگی بالای این صنعت به واردات مولد از خارج از کشور، نتایج بدست آمده از این مطالعه حاکی از وجود ذخیره‌های مختلف بویژه ذخیره‌های ناشی از تلاقی ناخواسته میان مولدین نر و ماده با منشاءهای مختلف بود. با توجه به اختلاف مشاهده شده میان مقادیر هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار در سه ذخیره مولوکائی، های‌هلث و هیبرید جمع آوری شده از مراکز تکثیر استان بوشهر نتایج دال بر کاهش تنوع ژنتیکی در ذخیره‌های نسل اول بود، بطوریکه در دو ذخیره‌های هیبرید و های‌هلث اختلاف مشاهده شده میان مقادیر فوق دلالت بر معنی‌داری بودن این شاخص را داشت. امروزه عنوان شده که می‌توان با ایجاد آمیزش بین گروهی در میان ذخائر پرورش داده شده و یا افراد خانواده‌های مختلف علاوه بر بالا بردن میزان هتروزیگوسیتی و تنوع ژنتیکی در نتاج حاصله میزان افزایش بهره‌وری مولدین را تا حدودی افزایش داد [۲۱]. از سوی دیگر علیرغم اینکه میزان فراوانی آلل‌های واقعی در سه ذخیره بررسی شده با میانگین ۴/۹۵ در دامنه ۹-۲ قرار داشت لیکن بررسی‌های صورت گرفته در مقایسه با سایر مطالعات انجام شده دلالت بر کاهش میزان فراوانی آلل‌های واقعی در ذخیره‌های موجود را داشت. با این وجود علیرغم کاهش اندک فراوانی آللی در ذخیره‌های مختلف نتاج دال بر مشاهده چندین آلل اختصاصی در مولدین ذخیره های‌هلث و هیبرید را داشت. در این رابطه Ren و همکاران (۲۰۱۸) [۲۲] با مطالعه بر روی ذخائر میگوی سفید غربی پرورش داده شده در مراکز تکثیر کشور چین عنوان نمودند که به دلیل اجرای برنامه‌های به‌گزینی بر روی مولدین توسط مدیران مراکز تکثیر، میانگین فراوانی آلل‌های واقعی مشاهده شد در جمعیت‌های بررسی شده با میزان ۵/۸۵ در دامنه ۱۲/۴۳-۴ قرار داشت. همچنین به دلیل کاهش تنوع ژنتیکی و فراوانی آللی در ذخیره‌های مختلف میزان ضریب هم‌خونی بدست آمده در مطالعه حاضر در مقایسه با مقادیر بدست آمده از مطالعه صورت گرفته توسط Ren و همکاران (۲۰۱۸) [۲۲] با میانگین ۰/۰۷۱، در تمامی جایگاه‌های بررسی شده به شدت افزایش یافته بود. بر اساس گفته Perez-Enriquez و همکاران (۲۰۰۹) [۲۳] افزایش میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده نسبت به هتروزیگوسیتی قابل انتظار علاوه بر افزایش میزان تنوع ژنتیکی با کاهش ضریب هم خونی می‌تواند همراه باشد، لذا یکی از دلایل افزایش ضریب هم‌خونی در ذخیره‌های مختلف ممکن است

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

به دلیل کاهش تنوع آللی ناشی از کوچک شدن جمعیت مولدین بوده باشد. امروزه عنوان شده که یکی از دلایل افزایش ضریب هم‌خونی در پیش مولدین ذخیره‌های مختلف، کاهش جمعیت مؤثر مولدین مشارکت کننده در برنامه‌های تولید مثلی و عدم به‌گزینی مناسب می‌تواند باشد [۲۴]. از آنجا که ثبات و فراوانی آلل‌ها را در نسل‌های مختلف بر اساس تعادل هاری–واینبرگ تعیین می‌گردد [۱۰]، لذا امروزه از این معادله جهت بررسی رابطه میان فراوانی ژنوتیپ و آلل‌ها استفاده می‌شود [۲۵] با این وجود افزایش آلل‌های نول همواره با افزایش هموزیگوسیتی و کاهش هتروزیگوسیتی در جمعیت‌ها همراه است [۲۶] با توجه به نتایج بدست آمده به دلیل انحراف از تعادل هاردی–واینبرگ در ذخیره‌های شناسایی شده می‌توان عنوان نمود که انحراف از این تعادل علاوه بر کاهش تنوع ژنتیکی و افزایش ضریب هم خونی ناشی از وجود آلل های نول (Null allele) می‌باشد [۲۲]. از این رو با توجه به فاصله ژنیتکی و تمایز ژنتیکی پائین میان ذخیره هیبرید و مولوکائی با هدف افزایش بهبود شاخص‌های ژنتیکی در نسل دوم میگوهای این دو ذخیره به عنوان جمعیت مولوکائی و ذخیره های‌هلث به عنوان جمعیت های‌هلث در نظر گرفته شدند.

بررسی میزان شاخص‌های ژنتیکی براساس اختلاف موجود میان هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار در چهار نتاج حاصل از آمیزش‌های درون گروهی و برون گروهی این دو جمعیت در نسل دوم نشان داد که اختلاف میان هتروزیگوسیتی مشاهده شده با مورد انتظار در نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) در مقایسه با نتاج دیگر بطور معنی‌داری کمتر بود. با این وجود میزان تنوع ژنتیکی در نتاج های‌هلث (نر) × مولوکائی (ماده) (H.M)، های‌هلث (نر) × های‌هلث (ماده) (H.H) و مولوکائی (نر) × مولوکائی (ماده) (M.M) در نسل دوم در مقایسه با مولدین نسل اول بطور معنی‌داری کاهش یافته بود ($P<0.05$)، لیکن علیرغم کاهش تنوع ژنتیکی در نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) در مقایسه با مولدین نسل اول هیچگونه اختلاف معنی‌داری مشاهده نشد ($P>0.05$). از سوی دیگر مشاهده شد که میزان فراوانی آلل‌های واقعی به استثنای نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) و های‌هلث × مولوکائی (H.M) در نتاج حاصل از آمیزش درون گروهی (Inbreeding) بطور معنی‌داری کاهش یافته بود ($P<0.05$). Goyard و همکاران (۲۰۰۳) [۲۵] عنوان نمودند که میزان فراوانی آلل‌های واقعی در جمعیت‌های وحشی در دامنه ۲۷ – ۱۴ قرار دارد، لذا در جمعیت‌های پرورشی به دلیل افزایش آمیزش‌های خویشاوندی و عدم انتخاب درست جمعیت این احتمال وجود دارد که بعد از ۴ تا ۷ نسل میزان فراوانی آلل‌ها به شدت با کاهش همراه شود. از این رو همانگونه که مشاهده می‌شود در نتاجی که حاصل آمیزهای خویشاوندی بودند میزان فراوانی آلل‌ها و همچنین میزان تنوع ژنتیکی در مقایسه با جمعیت مولدین نسل اول کاهش یافته بود. بنابراین هر چه فراوانی آلل‌ها در جمعیت‌های شناسایی شده کمتر باشد جمعیت بجای پلی مورف شدن به سمت مونومورف شدن پیش خواهد رفت، که این حالت معمولاً به دنبال نسل گیری متعدد از یک جمعیت و افزایش میزان آمیزش‌هایی خواهر–برادری (Full-sib Family) در جوامع ایجاد می‌شود [۲۶]، لذا در جمعیت‌هایی که دچار تنگناهای ژنتیکی (Bottleneck) می‌شوند، بویژه جمعیت‌هایی که در اسارت و یا در محیط‌های بسته نگهداری شده‌اند و یا مراکزی که دسترسی آن‌ها به منابع وحشی غیر ممکن است این حالت بیشتر مشاهده می‌شود [۲۷]. بنابراین ایجاد تنگناهای ژنتیکی علاوه بر کاهش میزان تنوع ژنتیکی و افزایش ضریب هم خونی در میگوهای پرورشی، معمولاً با کاهش شدید فراوانی آللی همراه است [۱۲]. همچنین میزان ضریب هم‌خونی مشاهده شد تنها در نتاج مولوکائی × های‌هلث (M.H) نسل دوم در مقایسه با سایر نتاج و مولدین نسل اول کاهش یافته بود این در حالی بود که در سایر نتاج بویژه نتاج حاصل از آمیزهای خویشاوندی درون گروهی این به شدت با افزایش همراه شد. با توجه به نتایج

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

بدست آمده همانگونه که مشاهده می‌شود آمیزش‌های خویشاوندی درون گروهی با کاهش شاخص‌های ژنتیکی و افزایش ضریب هم‌خونی در نتاج نسل دوم همراه بود، لیکن Ren و همکاران (۲۰۲۰b) [۲۸] عنوان نمودند که می‌توان با اجرای برنامه‌های به‌گزینی و تعیین شاخص‌های ژنتیکی تا حدود زیادی میزان ضریب هم‌خونی را کاهش داد. لذا از طریق به‌گزینی مولدین بر اساس روش‌های مولکولی نظیر ریزماهواره‌ای بویژه در میگوهای سفید غربی می‌توان تا حدود زیادی از می‌توان علاوه بر پیشگیری از کاهش شاخص‌های ژنتیکی صفات مرتبط با رشد و تولید مثل را بهبود بخشید [۲۹].

نتیجه‌گیری

با توجه به نتایج بدست آمده از این مطالعه حاضر مشاهده شد که علاوه بر کاهش شدید میزان شاخص‌های ژنتیکی بویژه فراوانی آلل‌ها و تنوع ژنتیکی در نتاج حاصل از آمیزش‌های خویشاوندی درون گروهی در مقایسه با آمیزش‌های غیر خویشاوندی حاصل از آمیزش‌های مولدین نر و ماده دو جمعیت مختلف، میزان ضریب هم‌خونی نیز در این نتاج نیز با افزایش همراه شده بود. بنابراین می‌توان اینچنین عنوان نمود که تفکیک و شناسایی جمعیت‌های مختلف در میگوهای سفید غربی پرورشی در کشور با هدف پیشگیری از کاهش شاخص‌های ژنتیکی از الزامات این صنعت می‌باشد.

تشکر و قدردانی: بدین وسیله، نویسندگان از همکاری پرسنل محترم مرکز تکثیر بندرگاه وابسته به پژوهشکده میگوی کشور بوشهر تشکر و سپاسگزاری می‌نمایند.

تاییدیه اخلاقی: موردی توسط نویسندگان گزارش نشده است.

تعارض منافع: در مطالعه حاضر هیچگونه تعارض منافعی وجود ندارد.

سهم نویسندگان: موردی توسط نویسندگان گزارش نشده است.

منابع مالی: مقاله برگرفته از طرح پژوهشی بررسی به‌گزینی و انتخاب مولدهای حاصله از هر نسل به شماره K۹۱۰۱-۹۱۰۰۱-۹۱۰۲-۱۲-۱۲-۱۴ می‌باشد.

منابع

1. FAO. Aquaculture production (quantities and values) 1950–2019. In: FishStatJ -Software for Fishery Statistical Time Series. FAO Fisheries and Aquaculture Department, Rome. 2019.
2. Li E, Xu C, Wang X, Wang S, Zhao Q, Zhang M, et al. Gut microbiota and its modulation for healthy farming of Pacific white shrimp Litopenaeus vannamei. Reviews in Fisheries Science & Aquaculture. 2018;26(3):381-99.
3. Pazir MK, Simruni MM, Hossini J. Detection and evaluation of the genetic variation Litopenaeus vannamei for different seed. 2016. Pp. 80. (in Persian).
4. Organization. IF. Statistical Yearbook of Iran Fisheries Organization 1397-1392. Deputy of Planning and Resource Management - Planning and Budget Office - Planning and Statistics Group.; 2019. Pp. 33. (in Persian).
5. Pazir MK, Ghaednia B, Aeinjamshid K, Pourkazemi M, Matinfar A, Afsharnasab M. Evalution of genetic different between Litopenaeus vannamei of different race. 2017. Pp. 46. (in Persian).
6. Gjedrem T, Akvaforsk Å. Selection and breeding programs in aquaculture: Springer; 2005.

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

7. Sbordoni V, De Matthaeis E, Sbordoni MC, La Rosa G, Mattoccia M. Bottleneck effects and the depression of genetic variability in hatchery stocks of Penaeus japonicus (Crustacea, Decapoda). Aquaculture. 1986;57(1-4):239-51.

8. Bierne N, Beuzart I, Vonau V, Bonhomme F, Bédier E. Microsatellite-associated heterosis in hatchery-propagated stocks of the shrimp Penaeus stylirostris. Aquaculture. 2000;184(3-4):203-19.

9. Moss DR, Arce SM, Otoshi CA, Doyle RW, Moss SM. Effects of inbreeding on survival and growth of Pacific white shrimp Penaeus (Litopenaeus) vannamei. Aquaculture. 2007;272:S30-S7.

10. Valles-Jimenez R, Cruz P, Perez-Enriquez R. Population genetic structure of Pacific white shrimp (Litopenaeus vannamei) from Mexico to Panama: microsatellite DNA variation. Marine Biotechnology. 2004;6(5):475-84.

11. García-Alegría AM, Anduro-Corona I, Pérez-Martínez CJ, Guadalupe Corella-Madueño MA, Rascón-Durán ML, Astiazaran-Garcia H. Quantification of DNA through the NanoDrop Spectrophotometer: Methodological Validation Using Standard Reference Material and Sprague Dawley Rat and Human DNA. International Journal of Analytical Chemistry. 2020;2020.

12. Wolfus GM, Garcia DK, Alcivar-Warren A. Application of the microsatellite technique for analyzing genetic diversity in shrimp breeding programs. Aquaculture. 1997;152(1-4):35-47.

13. Cruz P, Ibarra AM, Mejia-Ruiz H, Gaffney PM, Pérez-Enríquez R. Genetic variability assessed by microsatellites in a breeding program of Pacific white shrimp (Litopenaeus vannamei). Marine Biotechnology. 2004;6(2):157-64.

14. Freitas PD, Jesus CM, Galetti Jr PM. Isolation and characterization of new microsatellite loci in the Pacific white shrimp Litopenaeus vannamei and cross-species amplification in other penaeid species. Molecular Ecology Notes. 2007;7(2):324-6.

15. Garcia DK, Alcivar-Warren A. Characterization of 35 new microsatellite genetic markers for the pacific whiteleg shrimp, Litopenaeus vannamei: Their usefulness for studying genetic diversity of wild and cultured stocks, tracing pedigree in breeding programs, and linkage mapping. Journal of shellfish research. 2007;26(4):1203-16.

16. Borrell Y, Espinosa G, Romo J, Blanco G, Vázquez E, Sánchez J. DNA microsatellite variability and genetic differentiation among natural populations of the Cuban white shrimp Litopenaeus schmitti. Marine Biology. 2004;144(2):327-33.

17. Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics. 1978;89(3):583-90.

18. Doyle RW. Inbreeding and disease in tropical shrimp aquaculture: a reappraisal and caution. Aquaculture research. 2016;47(1):21-35.

19. Moss SM, Otoshi C, Leung P. Optimizing strategies for growing larger L. vannamei. Global Aquaculture Advocate. 2005;8(5):68-9.

20. Tamayo RJM. Assessment of genetic variability in two lots of white shrimp, Litopenaeus vannamei (Boone, 1931) introduced to Cuba: Universitetet i Tromsø; 2006.

21. Hillen J, Coscia I, Vandeputte M, Herten K, Hellemans B, Maroso F, et al. Estimates of genetic variability and inbreeding in experimentally selected populations of European sea bass. Aquaculture. 2017;479:742-9.

22. Ren S, Mather PB, Tang B, Hurwood DA. Levels of genetic diversity and inferred origins of Penaeus vannamei culture resources in China: Implications for the production of a broad synthetic base population for genetic improvement. Aquaculture. 2018;491:221-31.

23. Perez-Enriquez R, Hernández-Martínez F, Cruz P. Genetic diversity status of White shrimp Penaeus (Litopenaeus) vannamei broodstock in Mexico. Aquaculture. 2009;297(1-4):44-50.

24. Ren S, Prentis P, Mather PB, Li Y, Tang B, Hurwood DA. Genetic parameters for growth and survival traits in a base population of Pacific white shrimp (Litopenaeus vannamei) developed from domesticated strains in China. Aquaculture. 2020a;523:735148.

25. Goyard E, Arnaud S, Vonau V, Bishoff V, Mouchel O, Pham D, et al. Residual genetic variability in domesticated populations of the Pacific blue shrimp (Litopenaeus stylirostris) of New Caledonia,

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

French Polynesia and Hawaii and some management recommendations. Aquatic Living Resources. 2003;16(6):501-8.

26. Castric V, Bernatchez L, Belkhir K, Bonhomme F. Heterozygote deficiencies in small lacustrine populations of brook charr Salvelinus fontinalis Mitchill (Pisces, Salmonidae): a test of alternative hypotheses. Heredity. 2002;89(1):27-35.

27. Norris A, Bradley D, Cunningham E. Microsatellite genetic variation between and within farmed and wild Atlantic salmon (Salmo salar) populations. Aquaculture. 1999;180(3-4):247-64.

28. Ren S, Mather PB, Prentis P, Li Y, Tang B, Hurwood DA. Quantitative genetic assessment of female reproductive traits in a domesticated pacific white shrimp (Penaeus vannamei) line in China. Scientific reports. 2020b;10(1):1-10.

29. Tan J, Luan S, Cao B, Luo K, Meng X, Kong J. Evaluation of genetic parameters for reproductive traits and growth rate in the Pacific white shrimp Litopenaeus vannamei reared in brackish water. Aquaculture. 2019;511:734244.

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]

Journal of Fisheries Science and Technology
Special issue on Persian Gulf ecosystem
Volume10, Issue 2, Spring 2021
Pages: 213 - 226

Genetic characteristics of different generations broodstocks of *Litopenaeus vannamei* Boone, 1931 in hatchery centers located on the shores of the Persian Gulf in Bushehr province

Mohammad Khalil Pazir[1*], Seyed Ahmad Ghasemi[2], Maryam Mirbakhsh[3]

1- Iranian Shrimp Research Center, Iranian Fisheries Science Research Institute, Agricultural Research, Education & Extention Organization (AREEO), Bushehr, Iran.
2- Department of Marine Biotechnology, Persian Gulf Institute, Persian Gulf University, Bushehr, Iran.
3- Iranian Fisheries Science Research Institute, Agricultural Research, Education & Extention Organization (AREEO), Tehran, Iran

A B S T R A C T

The aim of this study was to identify different population broodstocks of *Litopenaeus vannamei* and effect of inbreeding and cross-inbreeding on genetic characteristics and inbreeding coefficient of offspring in the next generation. According to origin of broodstocks kept in hatcheries of Bushehr province in the first generation, different populations were identified through microsatellite method from Hybrid, High health and Molokai stocks then, in the next generations genetic characteristics of offspring from their inbreeding and cross-inbreeding were examined. The results showed that the amount of genetic diversity in Molokai and High Health stocks (0.46±0.09 and 0.50±0.07) was more than hybrid stock (0.38±0.06). The inbreeding coefficients of Molokai, High Health and hybrid stocks were 0.14, 0.31 and 0.41, respectively. Due to the low genetic distance between the hybrid and Molokai stocks, after mixing them together Molokai and High Health populations were introduced as the first generation broodstock. In the second generation, despite the high genetic diversity in the offspring of Molokai×High Health (0.47±0.12) and High Health×Molokai (0.39±0.08) than the offspring of Molokai×Molokai (0.19±0.04) and High Health× High Health (0.11±0.03), these values were reduced compared to the first generation. The lowest and highest inbreeding coefficients were related to the offspring of Molokai×High Health (0.268 ±0.18) and Molokai× Molokai (0.853±0.145), respectively. According to the results, it can be said that the lack of knowledge about the genetic characteristics of broodstocks and mating between individual relationships (full and half sib) can reduce genetic characteristics and genetic depression due to increased inbreeding coefficients in next generations.

KEYWORDS: *Litopenaeus vannamei*, Genetic diversity, Inbreeding coefficients, Persian Gulf.

ARTICLE TYPE

Original Research

ARTICLE HISTORY

Received: 19 February 2021
Accepted: 15 May 2021
ePublished: 31 May 2021

* Corresponding Author:
Email address: dr.pazir@gmail.com
Tel: +98
© Published by Tarbiat Modares University
eISSN:2476-6887 pISSN:2322-5513

[Downloaded from jfst.modares.ac.ir on 2025-02-10]

[DOR: 20.1001.1.23225513.1400.10.2.10.2]