فیزیولوژی و بیوتکنولوژی آبزیان
سال یازدهم، شماره چهارم، زمستان ۱۴۰۲

مقاله پژوهشی

مطالعه شباهت‌های ژنتیکی و روابط تبارشناختی ۱۰ گونه میگوی خانواده Penaeidae بر اساس توالی‌های ژنوم میتوکندریایی

رضا پسندیده[۱]، رامین عبدلی[۲]*

DOI: 10.22124/japb.2023.24411.1494

تاریخ دریافت: اردیبهشت ۱۴۰۲ تاریخ پذیرش: تیر ۱۴۰۲

چکیده

میگوهای خانواده Penaeidae مهم‌ترین آبزیان پرورشی از گروه سخت‌پوستان هستند که جایگاه اقتصادی مهمی در صنعت آبزی‌پروری جهان کسب کرده‌اند. در این مطالعه، توالی‌های کامل ژنوم میتوکندریایی ۱۰ گونه مهم میگوی خانواده Penaeidae همراه با توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین به ازای هر ژنوم از بانک اطلاعاتی NCBI استخراج و با یکدیگر مقایسه شدند. بر اساس ژنوم کامل میتوکندریایی، بیشترین شباهت ژنتیکی (۸۸/۵ درصد) بین گونه میگوی سفید هندی و گونه میگوی موزی و کمترین شباهت (۷۶/۴ درصد) بین گونه میگوی پشت چرب با گونه میگوی ببری سیاه وجود داشت. در بررسی تبارشناختی ژنوم کامل میتوکندریایی، دو خوشه اصلی در ابتدای درخت تبارنما ایجاد شد. گونه‌های میگوی پشت چرب و سفید سرتیز در یک خوشه اصلی و گونه‌های دیگر در خوشه اصلی دیگر قرار گرفتند. نتایج تبارشناختی توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی ۱۳ ژن نشان داد که گونه‌های میگوی پشت چرب با سفید سرتیز، میگوی آبی با سفید غربی و میگوی موزی با سفید هندی در زیرخوشه‌های متمایز قرار گرفتند که تاییدی بر نتایج به دست آمده از مقایسه ژنوم کامل میتوکندریایی است. بر اساس نتایج، توالی‌های ژنوم میتوکندریایی می‌توانند برای طیف گسترده‌ای از تجزیه و تحلیل‌های دقیق تبارشناختی و ژنتیکی گونه‌های متفاوت میگو مورد استفاده قرار گیرند.

واژگان کلیدی: *پنائیده، درخت تبارشناختی، ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها، ژنوم میتوکندریایی.*

۱- استادیار بخش بهداشت و بیماری‌های آبزیان، پژوهشکده میگوی کشور، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (AREEO)، بوشهر، ایران.

۲- استادیار مرکز تحقیقات ابریشم کشور، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی (AREEO)، رشت، ایران.

* نویسنده مسئول: ramin.abdoli.ramin.abdoli@gmail.com

مقدمه

در سه دهه گذشته، پرورش گونه‌های مختلف میگوی دریایی به طور گسترده‌ای افزایش یافته و به یکی از پربازده‌ترین بخش‌های آبزی‌پروری تبدیل شده است. میگوهای دریایی، دومین گروه اصلی گونه‌های صادراتی آبزیان را از نظر ارزش اقتصادی تشکیل می‌دهند. زیرراسته آبشش‌منشعبان (Dendrobranchiata) شامل دو بالاخانواده (Superfamily) بزرگ Penaeoidea و Sergestoidea است. میگوهای دریایی بالاخانواده Penaeoidea تقریبا یک سوم از گونه‌های میگوهای مهم تجاری جهان را تشکیل می‌دهند و بیش از ۸۰ درصد صید وحشی میگو به این بالاخانواده تعلق دارد. میگوهای خانواده Penaeidae بزرگترین مجموعه از بالاخانواده Penaeoidea هستند که چندین گونه از آنها در صنعت پرورش میگو مورد استفاده قرار می‌گیرند (Hurzaid et al., 2020). از میان این گونه‌ها، دو گونه میگوی سفید غربی (*Litopenaeus vannamei*) و میگوی ببری سیاه (*Penaeus monodon*) بیش از ۹۰ تا ۹۵ درصد تولیدات جهانی را تشکیل می‌دهند (Quan et al., 2004; Alfaro-Montoya et al., 2019; Arulmoorthy et al., 2020).

پرورش تجاری میگو در ایران از اوایل دهه ۷۰ هجری شمسی با گونه بومی میگوی ببری سبز (*Penaeus semisulcatus*) آغاز شد که چندان موفقیت آمیز نبود. از این رو، پس از چند سال آزمون و خطا، گونه میگوی سفید هندی (*Fenneropenaeus indicus*) جایگزین آن شد. گونه میگوی سفید هندی بومی آب‌های استان هرمزگان و سیستان و بلوچستان است و معرفی آن به مزارع پرورشی موجب بهبود تولید در کشور شد. با این حال، با بروز سندرم ویروسی لکه سفید در مزارع پرورش میگو در استان‌های خوزستان و بوشهر، کاهش چشمگیری در تولید میگوی سفید هندی رخ داد. به منظور مقابله با مشکلات ناشی از سندرم ویروسی لکه سفید و ایجاد تنوع گونه‌ای، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور برای اولین بار گونه میگوی سفید غربی را وارد کشور کرد (Iranian Fisheries Organization, 2019). گونه میگوی سفید غربی بومی سواحل غربی آمریکای لاتین در اقیانوس آرام از پرو در جنوب تا مکزیک در شمال است (Amelia et al., 2021). در حال حاضر، به دلیل مزایای منحصر به فردی مانند رشد سریع، تراکم‌پذیری بالا، بازماندگی بالا در مرحله لاروی، تحمل شوری، تحمل دما

و مقاوم بودن در مقابل عوامل بیماری‌زا (Amelia et al., 2021)، میگوی سفید غربی به عنوان گونه نخست پرورشی در ایران محسوب و در مناطق مختلف کشور شامل استان‌های خوزستان، بوشهر، هرمزگان، سیستان و بلوچستان و گلستان پرورش داده می‌شود.

انجام راهکارهای مدیریتی و اصلاح نژادی در موجودات مشروط به درک زیربنای تکاملی و شناسایی تنوع زیستی آنها است. در این زمینه، اطلاعات تبارشناختی می‌تواند ابزار مناسبی برای طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی به منظور تولید سویه‌های برتر از طریق دورگه‌گیری گونه‌های نزدیک به هم باشد (Quan et al., 2004; Coltman, 2008). در گذشته طبقه‌بندی میگوهای خانواده Penaeidae صرفا بر اساس ویژگی‌های ریخت‌شناسی صورت می‌گرفت که نمی‌توانست روابط تکاملی واقعی را در میگوها نشان دهد. برای مثال، در یک مطالعه تمایز ژنتیکی بسیار بالایی (۱۰ درصد) بین دو گونه میگوی جنس *Penaeus* که از نظر ریخت‌شناسی و بوم شناختی مشابه بودند، گزارش شد (Palumbi and Benzie, 1991). از این رو، از ابزارهای ژنتیک مولکولی برای طبقه‌بندی دقیق و سریع گونه‌های مختلف میگو استفاده می‌شود.

ژنوم میتوکندریایی (میتوژنوم، Mitogenome) توالی حلقوی کوتاهی است که از یک مجموعه ژنی حفاظت شده کوچک تشکیل شده و از نظر مناطق غیررمزگر ضعیف است. ژنوم میتوکندریایی دارای ۳۷ ژن است که از این ۳۷ ژن، ۱۳ ژن مربوط به پروتئین‌ها (پلی‌پپتیدها)، ۲۲ ژن مربوط به tRNAها و دو ژن مربوط به زیربخش‌های کوچک و بزرگ rRNAها هستند. این الگو در میان بیشتر پرسلولی‌ها مشاهده شده است (Chial and Craig, 2008). رایج‌ترین نشانگرهای مولکولی میتوکندریایی، ژن سیتوکروم اکسیداز زیرواحد I (*COI*) و یک منطقه غیررمزگر به نام منطقه کنترل میتوکندریایی (Control Region: CR) هستند. درون ناحیه CR یک زیرمنطقه بسیار متغیر به نام «حلقه جابجایی» (D-loop) وجود دارد که در همانندسازی ژنوم میتوکندری نقش دارد. به دلیل وزن مولکولی پایین، وراثت‌پذیری مادری، میزان جهش بالا و عدم نوترکیبی، ژنوم میتوکندریایی ابزار مناسبی برای تجزیه و تحلیل روابط تبارشناختی و شباهت‌های ژنتیکی در گونه‌های مختلف جانوران است و امکان ارزیابی ساختار ژنتیکی جمعیت با استفاده از آن وجود دارد (Guo et al., 2021; Soares et al., 2021). برای

مثال، مطالعات گذشته نشان داده است که ژن *COI* میتوکندریایی در بررسی روابط تبارشناختی و طبقه‌بندی بسیاری از بندپایان مفید است (Quan et al., 2004). در رابطه با سخت‌پوستان دریایی، ژن *COI* برای تجزیه و تحلیل روابط تبارشناختی بسیاری از گونه‌ها از جمله چندین گونه در جنس‌های *Penaeus*، *Gammarus*، *Cancer*، *Branchinecta*، *Branchipodopsis* و خانواده Bresiliidae استفاده شده است (Quan et al., 2004; Atashbar et al., 2016; Atashbar and Roohi, 2021). همچنین ژن *۱۶S rRNA* برای مطالعه تبارشناختی گونه‌های میگوی Penaeidae، خرچنگ‌های پورسیلین (Porcelain)، خرچنگ‌های گرپسویید (Grapsoid) و خرچنگ‌های اوسیپودید (Ocypodid) مورد استفاده قرار گرفته است (Kitaura et al., 1998; Schubart et al., 2000; Maggioni et al., 2001; Stillman and Reeb, 2001). در مطالعه‌ای با بررسی پنج جمعیت میگوی *Farfantepenaeus duorarum* مشخص شد که ناحیه CR دارای جایگاه‌ها و هاپلوتیپ‌های مفید بیشتری نسبت به ژن‌های *۱۶S rRNA* و *COI* است (Grabowski, 1999). از آنجا که مطالعه توالی کامل ژنوم میتوکندریایی می‌تواند اطلاعات دقیق‌تری برای طبقه‌بندی و تبارشناختی واقعی گونه‌ها ارائه دهد (Abdoli et al., 2022; Rabiei et al., 2022)، بنابراین هدف از مطالعه حاضر، بررسی واگرایی و درصد شباهت‌های ژنتیکی ۱۰ گونه مهم میگوی خانواده Penaeidae بر اساس توالی کامل ژنوم میتوکندریایی و توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین‌ها به ازای هر ژنوم همراه با تجزیه و تحلیل تبارشناختی این گونه‌ها بود.

مواد و روش‌ها

استخراج توالی‌ها

در این مطالعه ۱۰ گونه مهم میگوی خانواده Penaeidae متعلق به بالاخانواده Penaeoidea از زیرراسته آبشش‌منشعبان برای بررسی بیوانفورماتیکی انتخاب شدند (Tazikeh, 2010). ابتدا توالی‌های کامل ژنوم میتوکندریایی این گونه‌ها از پایگاه داده‌های RefSeq در NCBI (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq) استخراج شد. همچنین توالی کامل ژنوم میتوکندریایی میگوی *Sergia lucens* که متعلق به بالاخانواده دیگری از زیرراسته آبشش‌منشعبان به نام Sergestoidea

است، به عنوان برون‌گروه برای تجزیه و تحلیل تبارشناختی در نظر گرفته شد. اسامی گونه‌های میگو مورد بررسی و شماره دسترسی توالی‌های مربوطه همراه با اندازه هر ژنوم در جدول ۱ ارائه شده است. برای این منظور، نام علمی هر گونه همراه با کلمه کلیدی ژنوم کامل میتوکندریایی (Mitochondrion Complete Genome) در قسمت جستجوی پایگاه داده NCBI مورد کاوش قرار گرفت. در ادامه توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی کامل ۱۳ ژن رمزگر پروتئین (CDS) به تفکیک برای هر ژنوم در صفحه مربوط به توالی کامل ژنوم میتوکندریایی هر گونه پیدا و به طور جداگانه ذخیره شدند. این توالی‌ها شامل ژن‌های NADH یوبیکوئینون اکسیدوردوکتاز (*ND1*، *ND2*، *ND3*، *ND4*، *ND5* و *ND6*)، سیتوکروم c اکسیداز (*COX1*، *COX2* و *COX3*)، ATP سنتاز (*ATP6* و *ATP8*)، NADH دهیدروژناز 4L (*ND4L*) و سیتوکروم b (*CYTB*) بودند، که به طور جداگانه با یکدیگر مقایسه شدند.

جدول ۱: نام علمی گونه‌های میگوی مورد بررسی به همراه شماره دسترسی آنها در پایگاه NCBI و طول ژنوم آنها

گونه	شماره دسترسی	طول ژنوم (bp)
Fenneropenaeus indicus	NC_031366.1	۱۶۰۷۱
Fenneropenaeus merguiensis	NC_026884.1	۱۶۰۲۳
Fenneropenaeus chinensis	NC_009679.1	۱۶۰۰۴
Penaeus monodon	NC_002184.1	۱۵۹۸۴
Penaeus semisulcatus	MG821354.1	۱۶۰۰۲
Litopenaeus vannamei	NC_009626.1	۱۵۹۹۰
Litopenaeus stylirostris	NC_012060.1	۱۵۹۹۸
Marsupenaeus japonicus	NC_007010.1	۱۵۹۶۸
Metapenaeus ensis	NC_026834.1	۱۵۹۴۴
Metapenaeus affinis	NC_039179	۱۶۰۲۷
Sergia lucens	LC368254.1	۱۶۰۸۷

هم‌ردیف‌سازی

ابتدا توالی‌های کامل ژنوم میتوکندریایی گونه‌های میگوی مورد بررسی و توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین به تفکیک برای هر ژنوم همراه با نام علمی و شماره دسترسی گونه مربوطه در بخش EditSeq نرم‌افزار DNASTAR نسخه ۷/۱ ذخیره شدند. سپس هم‌ردیف‌سازی چندگانه توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی ذخیره شده با استفاده از بخش MegAlign این نرم‌افزار و ابزار Clustal W صورت گرفت (Burland, 1999). همچنین درصد واگرایی و شباهت ژنتیکی ژنوم‌های کامل، توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی با استفاده از بخش دیگری از نرم‌افزار DNASTAR به نام Sequence Distances محاسبه شدند.

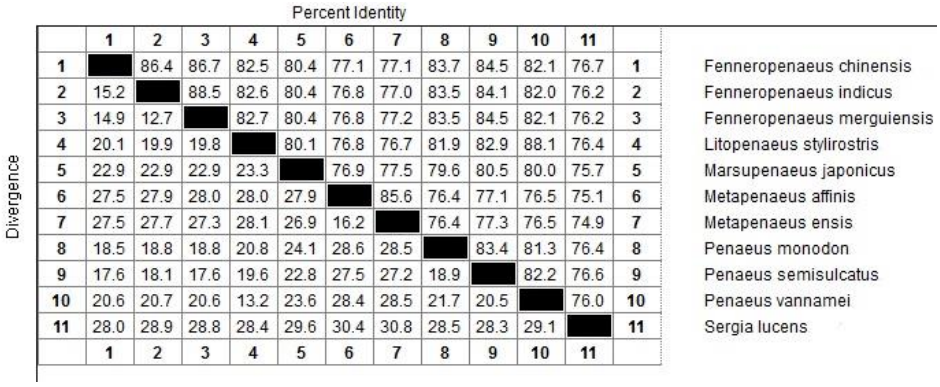
درخت تبارشناختی

به منظور تجزیه و تحلیل تبارشناختی، ابتدا هم‌ردیف‌سازی ژنوم‌های کامل میتوکندریایی و توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها با استفاده از نرم‌افزار MEGA11 انجام شد (Tamura et al., 2021) و سپس درخت‌های تبارشناختی با استفاده از روش UPGMA و با درصد پشتیبانی یا بوت استراپ (Bootstrap) بر اساس ۱۰۰۰ تکرار ترسیم شدند.

نتایج

هم‌ردیف‌سازی و شباهت ژنتیکی ژنوم کامل میتوکندریایی

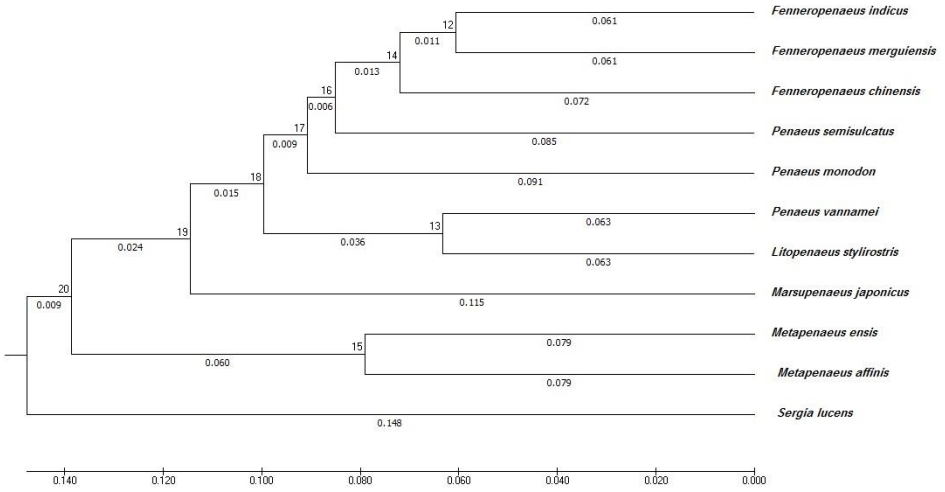
نتایج به دست آمده از تجزیه و تحلیل هم‌ردیف‌سازی نوکلئوتیدی و شباهت ژنتیکی توالی‌های کامل ژنوم میتوکندریایی گونه‌های میگوی مورد مطالعه در شکل ۱ بالای قطر ارائه شده است. بیشترین شباهت در توالی‌های نوکلئوتیدی ژنوم کامل میتوکندریایی (۸۸/۵ درصد) بین گونه میگوی سفید هندی و گونه میگوی موزی (*Fenneropenaeus merguiensis*) یافت شد. همچنین، کمترین شباهت ژنتیکی (۷۶/۴ درصد) بین گونه‌های میگوی پشت چرب (*Metapenaeus ensis*) و میگوی سفید سرتیز (*Metapenaeus affinis*) با گونه میگوی ببری سیاه وجود داشت. نتایج به دست آمده از معیار واگرایی در شکل ۱ پایین قطر نیز یافته‌های بالا را تایید می‌کند.



شکل ۱: درصد شباهت و واگرایی ژنوم کامل میتوکندریایی گونه‌های میگوی مورد بررسی. گونه *Sergia lucens* به عنوان برون‌گروه (Outgroup) در نظر گرفته شده است.

تجزیه و تحلیل تبارشناختی ژنوم کامل میتوکندریایی

نتایج به دست آمده از تجزیه و تحلیل تبارشناختی بر اساس ژنوم کامل میتوکندریایی، دو خوشه اصلی را در ابتدای درخت تبارنما نشان داد (شکل ۲). همان طور که در شکل ۲ مشخص است، گونه میگوی پشت چرب همراه با گونه میگوی سفید سرتیز در یک خوشه اصلی جداگانه قرار گرفتند. دومین خوشه اصلی جدا شده به چندین زیر خوشه دیگر تقسیم شد. به این صورت که ابتدا گونه میگوی ببری ژاپنی (کروما، Kuruma Shrimp، *Marsupenaeus japonicus*) جدا شد و سپس گونه‌های میگوی آبی (*Litopenaeus stylirostris*) و میگوی سفید غربی با یکدیگر در یک زیرخوشه متمایز قرار گرفتند. سپس گونه‌های میگوی ببری سیاه، ببری سبز و سفید چینی (*Fenneropenaeus chinensis*) به طور جداگانه یک زیرخوشه را تشکیل دادند و دو گونه میگوی موزی و میگوی سفید هندی با یکدیگر در یک زیرخوشه متمایز قرار گرفتند (شکل ۲). گونه *Sergia lucens* به عنوان برون گروه (Outgroup) در نظر گرفته شده است.



شکل ۲: درخت تبارنمای مولکولی به دست آمده از تجزیه و تحلیل ژنوم کامل میتوکندریایی گونه‌های میگوی مورد بررسی با استفاده از روش UPGMA. گونه *Sergia lucens* به عنوان برون‌گروه (Outgroup) در نظر گرفته شده است. اعداد درج شده روی گره‌ها نشان دهنده درصدهای بوت‌استراپ برای شاخه‌های داخلی بعد از ۱۰۰۰ تکرار است. طول شاخه‌ها نیز نشان دهنده تغییرات ژنتیکی است. به عبارت بهتر، هر قدر شاخه‌ای بلندتر باشد، تغییرات ژنتیکی (یا واگرایی) رخ داده در آن بیشتر است.

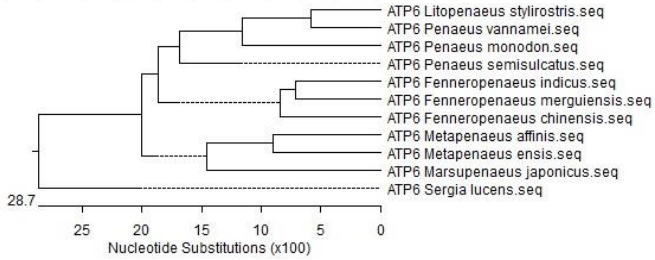
هم‌ردیف‌سازی و شباهت ژنتیکی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی

بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی ژن‌های *CYTB*، *ND4* و *ND6* گونه‌های میگوی سفید هندی و میگوی موزی بیشترین شباهت ژنتیکی را به ترتیب با ۸۸، ۸۸/۳ و ۸۶/۶ درصد شباهت داشتند (شکل ۳). این نتیجه مشابه نتایج به دست آمده از مقایسه ژنوم کامل میتوکندریایی گونه‌های مورد مطالعه بود. بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی ژن *ATP8* گونه‌های میگوی پشت چرب و میگوی سفید سرتیز بیشترین شباهت ژنتیکی را با ۹۱/۸ درصد داشتند. بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی ژن‌های *COX2*، *COX3*، *ND2*، *ND3*، *ND5*، *ATP6* و *COX1* گونه‌های میگوی آبی و میگوی سفید غربی بیشترین شباهت ژنتیکی را به ترتیب با ۹۰، ۹۰/۶، ۸۴/۹، ۸۹/۵ ، ۸۷/۶، ۸۹/۵ و ۸۹ درصد شباهت داشتند (شکل ۳).

Percent Identity

Divergence

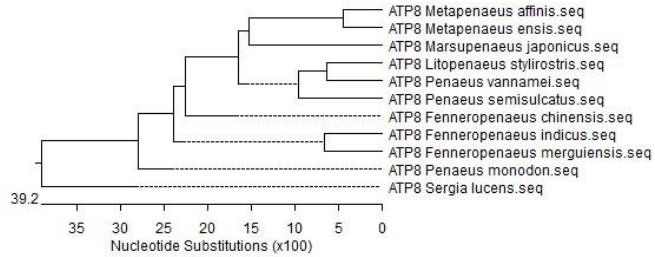
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		
1		85.2	85.3	79.7	75.4	75.0	73.9	79.4	82.5	79.4	75.7	1	ATP6 Fenneropenaeus chinensis.seq
2	16.8		87.3	80.9	77.9	76.9	76.0	77.8	82.1	80.1	78.1	2	ATP6 Fenneropenaeus indicus.seq
3	16.6	14.2		79.9	76.3	76.9	75.7	78.5	81.8	78.2	75.0	3	ATP6 Fenneropenaeus merguiensis.seq
4	23.9	22.2	23.7		76.9	76.3	75.7	79.9	81.0	89.5	73.8	4	ATP6 Litopenaeus stylirostris.seq
5	30.2	26.3	28.7	28.2		75.6	76.6	75.3	76.7	79.3	73.8	5	ATP6 Marsupenaeus japonicus.seq
6	30.7	27.7	27.8	28.7	29.9		84.1	74.5	76.6	76.0	73.5	6	ATP6 Metapenaeus affinis.seq
7	32.3	29.0	29.7	29.6	28.3	18.1		73.5	75.3	74.8	72.7	7	ATP6 Metapenaeus ensis.seq
8	24.4	26.7	25.6	23.6	30.3	31.3	33.0		81.0	80.4	73.9	8	ATP6 Penaeus monodon.seq
9	20.2	20.7	21.2	22.1	28.1	28.2	30.2	22.3		81.0	74.4	9	ATP6 Penaeus semisulcatus.seq
10	24.3	23.2	26.0	11.6	24.5	29.1	31.0	22.8	22.1		73.9	10	ATP6 Penaeus vannamei.seq
11	29.4	26.0	30.6	32.4	32.4	33.1	34.3	32.1	31.5	32.2		11	ATP6 Sergia lucens.seq
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		



Percent Identity

Divergence

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		
1		78.6	87.4	81.1	80.5	70.4	73.0	83.0	79.9	82.4	72.3	1	ATP8 Fenneropenaeus chinensis.seq
2	26.0		88.1	80.5	76.7	72.3	74.2	84.9	79.2	80.5	71.7	2	ATP8 Fenneropenaeus indicus.seq
3	14.0	13.2		84.3	81.1	73.6	76.1	88.1	82.4	86.8	73.6	3	ATP8 Fenneropenaeus merguiensis.seq
4	22.2	23.0	17.8		81.1	76.1	74.8	84.3	83.0	88.7	72.3	4	ATP8 Litopenaeus stylirostris.seq
5	22.7	28.7	21.9	22.1		74.8	75.5	83.0	78.6	81.8	70.4	5	ATP8 Marsupenaeus japonicus.seq
6	38.1	34.8	32.6	28.9	30.8		91.8	70.4	74.2	74.8	65.4	6	ATP8 Metapenaeus affinis.seq
7	33.8	31.9	28.8	30.7	29.9	8.7		71.1	74.8	74.2	66.7	7	ATP8 Metapenaeus ensis.seq
8	19.6	17.2	13.1	17.8	19.4	37.8	36.7		80.5	84.3	76.1	8	ATP8 Penaeus monodon.seq
9	23.6	24.6	20.1	19.5	25.6	31.7	30.6	22.8		83.6	68.6	9	ATP8 Penaeus semisulcatus.seq
10	20.5	22.9	14.6	12.6	21.2	30.8	31.7	17.8	18.7		72.3	10	ATP8 Penaeus vannamei.seq
11	34.7	35.6	32.6	34.7	37.8	46.5	44.2	28.8	40.9	34.5		11	ATP8 Sergia lucens.seq
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		

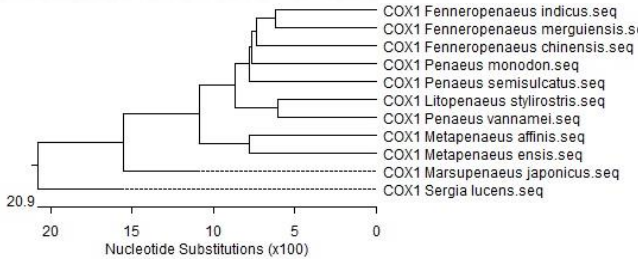


Percent Identity

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		86.8	86.8	84.1	84.2	82.0	81.7	86.4	85.7	84.2	82.2	1
2	14.7		88.7	84.3	84.0	81.8	82.1	86.2	85.1	84.0	81.2	2
3	14.7	12.4		84.6	83.7	81.4	82.6	85.9	85.7	84.9	81.7	3
4	18.0	17.8	17.5		81.5	81.7	80.4	84.5	84.6	89.0	81.6	4
5	17.9	18.2	18.6	21.5		80.5	81.5	84.0	83.8	82.9	83.2	5
6	20.8	21.0	21.5	21.1	22.8		86.1	80.6	81.4	81.8	81.1	6
7	21.2	20.6	19.9	23.0	21.5	15.6		80.9	82.7	80.8	80.0	7
8	15.1	15.4	15.8	17.5	18.1	22.7	22.3		86.5	84.6	81.7	8
9	16.0	16.8	16.1	17.5	18.5	21.5	19.8	15.0		85.3	82.1	9
10	17.9	18.1	17.1	12.0	19.5	21.0	22.4	17.4	16.4		81.0	10
11	20.5	21.8	21.1	21.3	19.1	21.9	23.5	21.1	20.7	22.2		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

1 COX1 Fenneropenaeus chinensis.seq
2 COX1 Fenneropenaeus indicus.seq
3 COX1 Fenneropenaeus merguiensis.seq
4 COX1 Litopenaeus stylirostris.seq
5 COX1 Marsupenaeus japonicus.seq
6 COX1 Metapenaeus affinis.seq
7 COX1 Metapenaeus ensis.seq
8 COX1 Penaeus monodon.seq
9 COX1 Penaeus semisulcatus.seq
10 COX1 Penaeus vannamei.seq
11 COX1 Sergia lucens.seq

Divergence

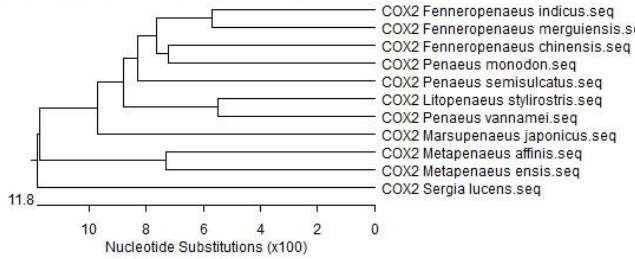


Percent Identity

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		86.3	87.5	85.3	83.1	78.8	81.2	86.9	85.2	84.7	78.8	1
2	15.4		89.7	84.6	83.7	79.1	80.8	85.8	85.3	83.6	81.0	2
3	13.9	11.4		85.0	82.0	79.2	80.1	86.0	86.2	83.3	81.1	3
4	16.5	17.4	16.8		83.7	80.5	81.8	84.9	86.0	90.0	81.7	4
5	19.3	18.7	21.0	18.5		79.8	79.9	83.9	83.0	81.7	80.8	5
6	25.3	24.9	24.7	22.9	24.0		86.9	80.8	79.5	80.2	79.5	6
7	22.0	22.6	23.6	21.1	23.8	14.6		80.2	80.7	80.2	79.5	7
8	14.5	16.0	15.6	17.0	18.4	22.4	23.3		85.2	84.3	80.5	8
9	16.8	16.8	15.6	15.6	19.7	24.3	22.9	16.8		83.1	79.4	9
10	17.2	18.8	19.2	11.0	21.3	23.2	23.2	17.9	19.6		79.1	10
11	25.2	22.1	21.9	21.2	22.4	24.2	24.3	22.7	24.5	24.9		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

1 COX2 Fenneropenaeus chinensis.seq
2 COX2 Fenneropenaeus indicus.seq
3 COX2 Fenneropenaeus merguiensis.seq
4 COX2 Litopenaeus stylirostris.seq
5 COX2 Marsupenaeus japonicus.seq
6 COX2 Metapenaeus affinis.seq
7 COX2 Metapenaeus ensis.seq
8 COX2 Penaeus monodon.seq
9 COX2 Penaeus semisulcatus.seq
10 COX2 Penaeus vannamei.seq
11 COX2 Sergia lucens.seq

Divergence

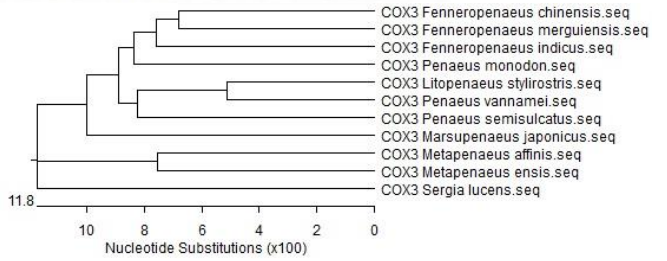


Percent Identity

Divergence

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		85.8	87.7	82.8	82.9	79.6	80.4	85.3	84.7	82.5	81.1	1
2	16.0		87.1	84.6	82.8	79.5	80.3	85.2	85.1	82.9	79.2	2
3	13.6	14.5		81.6	82.8	80.5	79.5	84.8	83.4	80.5	78.7	3
4	19.8	17.4	21.4		83.7	79.6	80.3	85.4	86.1	90.6	81.9	4
5	19.5	19.7	19.7	18.6		81.6	79.4	82.0	82.4	82.7	79.4	5
6	24.0	24.1	22.7	24.0	21.1		86.5	79.6	79.5	78.9	79.6	6
7	22.9	23.0	24.1	23.1	24.4	15.1		80.4	79.7	79.2	80.4	7
8	16.5	16.7	17.2	16.3	20.8	24.0	23.0		84.9	84.4	79.4	8
9	17.4	16.8	19.1	15.5	20.4	24.2	23.9	17.0		84.6	81.0	9
10	20.2	19.6	23.0	10.2	20.1	25.1	24.5	17.6	17.5		79.9	10
11	22.0	24.5	25.4	20.9	24.3	24.0	23.0	24.4	22.1	23.8		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

1 COX3 Fenneropenaeus chinensis.seq
2 COX3 Fenneropenaeus indicus.seq
3 COX3 Fenneropenaeus merguiensis.seq
4 COX3 Litopenaeus stylirostris.seq
5 COX3 Marsupenaeus japonicus.seq
6 COX3 Metapenaeus affinis.seq
7 COX3 Metapenaeus ensis.seq
8 COX3 Penaeus monodon.seq
9 COX3 Penaeus semisulcatus.seq
10 COX3 Penaeus vannamei.seq
11 COX3 Sergia lucens.seq

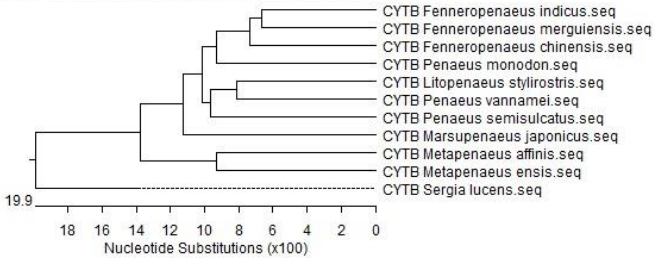


Percent Identity

Divergence

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		86.2	87.4	82.8	82.0	79.2	77.7	83.7	84.1	82.7	79.2	1
2	15.5		88.0	82.4	79.9	77.7	78.0	83.6	82.1	81.7	78.3	2
3	14.0	13.4		83.0	80.5	78.2	77.3	83.7	82.8	81.2	79.0	3
4	19.7	20.3	19.5		80.8	76.5	76.1	82.7	83.2	85.7	79.0	4
5	20.8	23.8	23.1	22.5		76.9	78.6	80.4	81.3	80.0	77.9	5
6	24.6	26.9	26.1	28.5	27.9		83.7	77.4	77.7	77.3	77.4	6
7	26.7	26.3	27.4	29.2	25.5	18.6		75.5	76.8	76.3	78.0	7
8	18.5	18.8	18.5	19.9	23.0	27.4	30.3		83.0	79.7	79.3	8
9	18.1	20.7	19.9	19.2	21.9	26.9	28.3	19.5		83.0	79.3	9
10	20.0	21.3	21.9	16.2	23.7	27.5	29.0	24.0	19.5		79.2	10
11	24.6	25.9	25.0	25.0	26.6	27.4	26.5	24.4	24.5	24.7		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

1 CYTB Fenneropenaeus chinensis.seq
2 CYTB Fenneropenaeus indicus.seq
3 CYTB Fenneropenaeus merguiensis.seq
4 CYTB Litopenaeus stylirostris.seq
5 CYTB Marsupenaeus japonicus.seq
6 CYTB Metapenaeus affinis.seq
7 CYTB Metapenaeus ensis.seq
8 CYTB Penaeus monodon.seq
9 CYTB Penaeus semisulcatus.seq
10 CYTB Penaeus vannamei.seq
11 CYTB Sergia lucens.seq

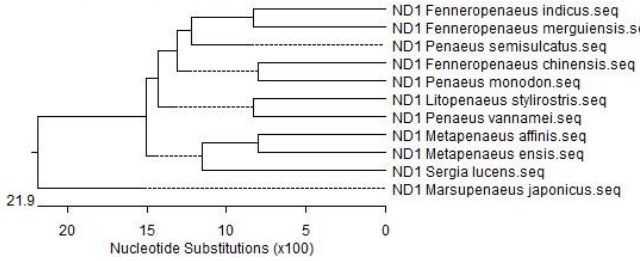


Percent Identity

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		85.3	85.1	82.1	78.7	80.0	80.2	85.8	85.1	83.3	80.9	1
2	16.8		85.5	81.9	79.2	81.3	79.4	83.1	86.3	82.3	80.4	2
3	17.1	16.6		82.7	79.3	79.1	79.9	82.3	85.1	83.8	81.0	3
4	20.7	21.0	19.8		80.1	80.5	79.7	82.2	84.9	85.4	80.8	4
5	25.5	24.6	24.5	23.5		78.4	79.6	79.4	80.3	80.2	77.4	5
6	23.7	21.8	24.9	22.7	25.8		85.7	78.6	80.9	80.4	79.3	6
7	23.3	24.3	23.8	23.9	24.3	16.1		79.1	80.4	80.3	81.4	7
8	15.9	19.6	20.6	20.4	24.4	25.5	24.8		84.9	82.1	79.8	8
9	16.9	15.4	16.9	17.0	23.3	22.2	23.0	17.1		83.4	82.4	9
10	19.2	20.5	18.6	16.5	23.5	23.0	23.2	20.8	19.2		80.2	10
11	22.2	22.9	22.1	22.3	27.2	24.4	21.6	23.8	20.2	23.3		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

1 ND1 Fenneropenaeus chinensis.seq
2 ND1 Fenneropenaeus indicus.seq
3 ND1 Fenneropenaeus merguiensis.seq
4 ND1 Litopenaeus stylirostris.seq
5 ND1 Marsupenaeus japonicus.seq
6 ND1 Metapenaeus affinis.seq
7 ND1 Metapenaeus ensis.seq
8 ND1 Penaeus monodon.seq
9 ND1 Penaeus semisulcatus.seq
10 ND1 Penaeus vannamei.seq
11 ND1 Sergia lucens.seq

Divergence

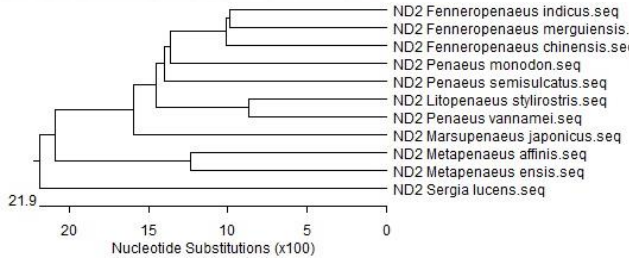


Percent Identity

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		82.7	82.9	79.4	74.3	67.1	68.4	77.5	78.1	77.9	67.9	1
2	20.3		83.2	77.9	75.8	68.1	69.7	77.2	77.7	77.4	66.9	2
3	20.0	19.8		78.1	76.3	66.8	69.6	77.6	78.7	77.1	67.0	3
4	24.3	26.5	26.3		74.5	68.5	68.5	74.1	75.9	84.9	67.7	4
5	31.9	29.6	28.7	31.8		68.3	70.4	72.9	74.0	74.7	66.3	5
6	43.7	41.8	44.3	41.4	41.9		79.4	67.7	69.1	67.6	67.3	6
7	41.5	39.2	39.5	41.4	38.3	24.7		66.4	69.8	67.6	66.2	7
8	27.2	27.7	27.0	32.4	34.2	42.8	45.5		75.9	75.2	68.1	8
9	26.4	26.9	25.5	29.6	32.3	40.3	39.2	29.6		75.3	67.1	9
10	26.5	27.4	27.8	17.3	31.5	42.9	42.8	30.6	30.4		66.7	10
11	42.1	43.9	43.9	42.4	44.8	43.2	45.1	41.8	43.5	44.2		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

1 ND2 Fenneropenaeus chinensis.seq
2 ND2 Fenneropenaeus indicus.seq
3 ND2 Fenneropenaeus merguiensis.seq
4 ND2 Litopenaeus stylirostris.seq
5 ND2 Marsupenaeus japonicus.seq
6 ND2 Metapenaeus affinis.seq
7 ND2 Metapenaeus ensis.seq
8 ND2 Penaeus monodon.seq
9 ND2 Penaeus semisulcatus.seq
10 ND2 Penaeus vannamei.seq
11 ND2 Sergia lucens.seq

Divergence

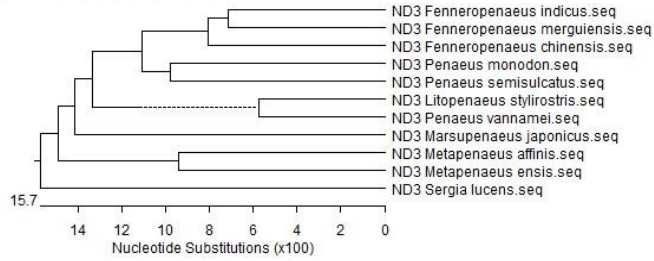


Percent Identity

Divergence

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		87.2	84.4	82.1	76.1	77.8	77.3	82.1	79.3	80.7	74.7	1
2	14.3		87.2	81.8	80.1	77.0	77.3	83.8	82.7	81.2	76.1	2
3	18.0	14.3		81.8	78.1	75.9	77.6	80.4	80.1	82.7	73.3	3
4	20.7	21.2	21.1		79.0	79.3	77.0	83.8	81.5	89.5	77.6	4
5	29.3	23.4	26.2	25.0		75.6	77.8	79.0	77.6	79.3	73.6	5
6	26.5	27.8	29.4	24.4	30.1		83.8	76.1	73.9	76.7	73.3	6
7	27.2	27.2	26.8	27.8	26.4	18.8		77.6	75.6	78.1	76.1	7
8	20.9	18.5	23.4	18.6	25.0	29.2	26.9		83.0	84.1	77.0	8
9	24.8	19.9	23.6	21.5	27.2	32.6	29.8	19.6		78.1	74.1	9
10	22.7	22.3	20.1	11.5	24.7	28.2	26.1	18.2	26.4		76.1	10
11	31.1	29.0	33.4	26.8	33.1	33.2	28.8	27.8	32.1	28.9		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

1 ND3 Fenneropenaeus chinensis.seq
2 ND3 Fenneropenaeus indicus.seq
3 ND3 Fenneropenaeus merguiensis.seq
4 ND3 Litopenaeus stylirostris.seq
5 ND3 Marsupenaeus japonicus.seq
6 ND3 Metapenaeus affinis.seq
7 ND3 Metapenaeus ensis.seq
8 ND3 Penaeus monodon.seq
9 ND3 Penaeus semisulcatus.seq
10 ND3 Penaeus vannamei.seq
11 ND3 Sergia lucens.seq

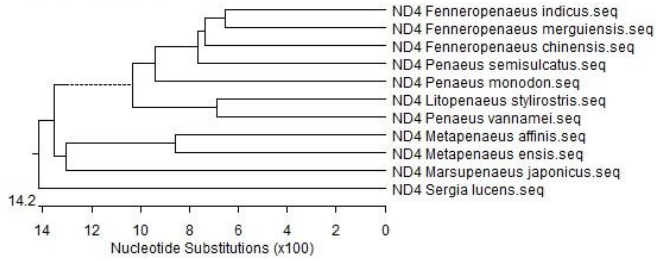


Percent Identity

Divergence

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		86.9	86.9	82.3	81.5	79.4	78.3	82.7	86.3	82.3	78.3	1
2	14.7		88.3	82.9	81.7	80.5	79.2	83.7	86.8	82.3	79.3	2
3	14.7	13.0		82.9	81.7	78.9	78.8	84.0	86.2	82.8	78.5	3
4	20.5	19.7	19.6		80.3	79.6	78.3	81.8	83.7	87.7	78.5	4
5	21.5	21.4	21.3	23.3		78.1	78.2	78.9	81.1	80.2	77.6	5
6	24.3	22.7	25.0	24.1	26.2		84.9	78.8	79.5	77.6	76.6	6
7	25.8	24.6	25.1	25.9	26.1	17.2		77.5	77.3	77.2	75.1	7
8	20.0	18.7	18.4	21.1	25.2	25.2	27.1		84.0	81.4	77.6	8
9	15.4	14.7	15.4	18.5	22.2	24.2	27.5	18.3		83.0	79.2	9
10	20.6	20.6	19.8	13.8	23.4	27.0	27.6	21.7	19.6		78.2	10
11	25.8	24.4	25.5	25.5	26.9	28.2	30.5	26.7	24.5	25.9		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

1 ND4 Fenneropenaeus chinensis.seq
2 ND4 Fenneropenaeus indicus.seq
3 ND4 Fenneropenaeus merguiensis.seq
4 ND4 Litopenaeus stylirostris.seq
5 ND4 Marsupenaeus japonicus.seq
6 ND4 Metapenaeus affinis.seq
7 ND4 Metapenaeus ensis.seq
8 ND4 Penaeus monodon.seq
9 ND4 Penaeus semisulcatus.seq
10 ND4 Penaeus vannamei.seq
11 ND4 Sergia lucens.seq

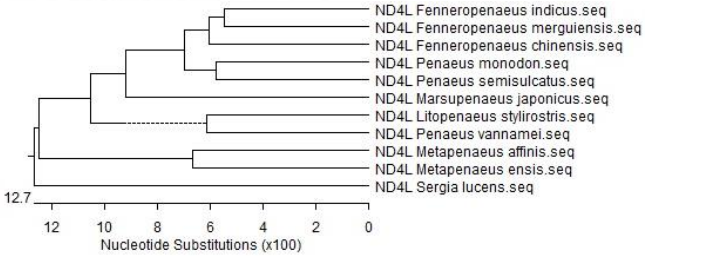


Percent Identity

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		90.3	87.7	86.3	85.3	80.0	80.7	87.7	88.7	88.7	81.0	1
2	10.5		90.0	85.0	83.7	77.7	79.0	85.7	87.7	84.7	79.7	2
3	13.7	10.9		84.3	83.3	80.0	82.0	86.0	87.7	84.3	78.3	3
4	15.3	16.9	17.8		83.0	80.0	78.7	83.7	84.0	89.0	79.7	4
5	16.6	18.7	19.1	19.5		78.0	79.3	82.7	84.0	83.0	77.0	5
6	23.4	26.9	23.4	23.5	26.2		88.0	79.7	82.0	81.3	78.7	6
7	22.5	24.8	20.7	25.5	24.4	13.3		81.3	81.3	81.7	79.7	7
8	13.6	16.1	15.7	18.8	19.9	23.9	21.5		89.3	85.0	78.0	8
9	12.4	13.7	13.7	18.3	18.2	20.7	21.5	11.6		85.3	79.0	9
10	12.4	17.4	17.9	12.2	19.6	21.7	21.2	17.0	16.5		81.0	10
11	22.1	23.9	25.7	24.1	27.6	25.2	23.8	26.4	24.8	22.1		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

Divergence

1 ND4L Fenneropenaeus chinensis.seq
2 ND4L Fenneropenaeus indicus.seq
3 ND4L Fenneropenaeus merguiensis.seq
4 ND4L Litopenaeus stylirostris.seq
5 ND4L Marsupenaeus japonicus.seq
6 ND4L Metapenaeus affinis.seq
7 ND4L Metapenaeus ensis.seq
8 ND4L Penaeus monodon.seq
9 ND4L Penaeus semisulcatus.seq
10 ND4L Penaeus vannamei.seq
11 ND4L Sergia lucens.seq

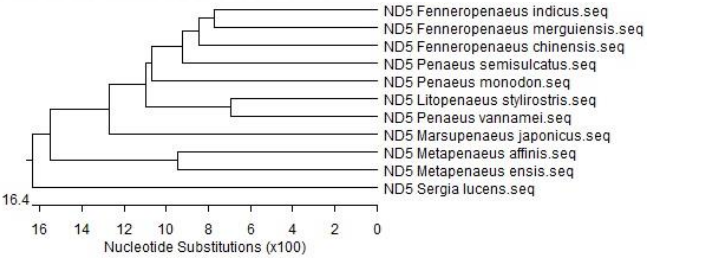


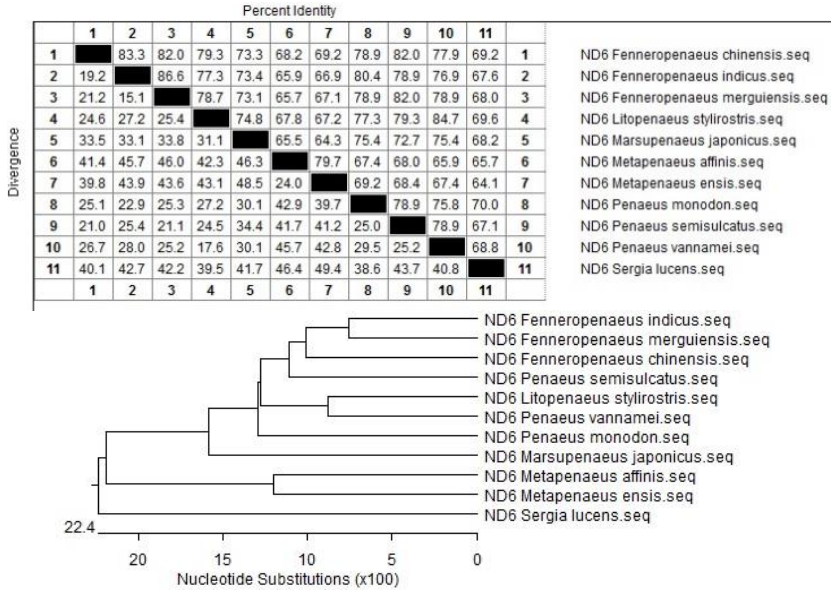
Percent Identity

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		84.8	85.5	81.7	79.5	76.1	76.3	82.1	84.2	81.4	75.1	1
2	17.4		86.4	82.2	79.7	75.0	74.5	80.1	83.0	81.2	73.7	2
3	16.4	15.5		82.6	79.3	75.3	75.1	80.4	84.1	81.4	74.9	3
4	21.3	20.7	20.2		79.4	75.8	76.5	81.2	82.4	87.6	75.0	4
5	24.4	24.1	24.6	24.5		73.8	74.4	77.5	79.9	78.2	73.4	5
6	29.1	30.8	30.3	29.6	32.6		83.5	74.9	76.0	75.8	73.6	6
7	28.9	31.7	30.8	28.7	31.7	18.9		74.9	76.7	74.9	72.7	7
8	20.8	23.6	23.1	21.9	27.3	30.8	30.9		82.1	80.1	74.8	8
9	18.1	19.7	18.2	20.3	23.8	29.2	28.3	20.7		81.4	75.1	9
10	21.8	22.1	21.8	13.9	26.3	29.7	31.2	23.5	21.7		75.1	10
11	30.4	32.7	30.7	30.5	33.1	32.9	34.3	30.8	30.4	30.4		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

Divergence

1 ND5 Fenneropenaeus chinensis.seq
2 ND5 Fenneropenaeus indicus.seq
3 ND5 Fenneropenaeus merguiensis.seq
4 ND5 Litopenaeus stylirostris.seq
5 ND5 Marsupenaeus japonicus.seq
6 ND5 Metapenaeus affinis.seq
7 ND5 Metapenaeus ensis.seq
8 ND5 Penaeus monodon.seq
9 ND5 Penaeus semisulcatus.seq
10 ND5 Penaeus vannamei.seq
11 ND5 Sergia lucens.seq





شکل ۳: درصد شباهت، واگرایی و درخت تبارنما بر مبنای توالی‌های نوکلئوتیدی ژن‌های *ND1*، *ND2*، *ND3*، *ND4*، *ND5*، *ND6*، *COX1*، *COX2*، *COX3*، *ATP6*، *ATP8*، *ND4L* و *CYTB* در گونه‌های مورد بررسی. گونه *Sergia lucens* به عنوان برون‌گروه (Outgroup) در نظر گرفته شده است.

بیشترین شباهت ژنتیکی بین گونه‌های میگوی مورد مطالعه بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی ژن *ND1* بین گونه‌های میگوی سفید هندی و میگوی ببری سبز با ۸۶/۳ درصد شباهت و بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی ژن *ND4L* بین گونه‌های میگوی سفید هندی و میگوی سفید چینی با ۹۰/۳ درصد شباهت وجود داشت (شکل ۳).

تجزیه و تحلیل تبارشناختی بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی ژن‌های رمزگر پروتئین-ها

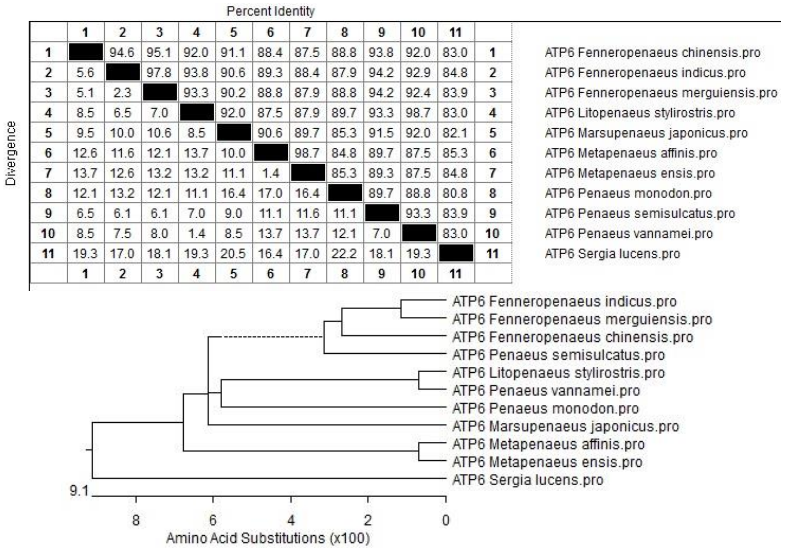
تجزیه و تحلیل تبارشناختی بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی تمامی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها نشان داد که گونه میگوی پشت چرب همراه با گونه میگوی سفید سرتیز و گونه میگوی آبی همراه با گونه میگوی سفید غربی در زیرخوشه‌های متمایز قرار گرفتند.

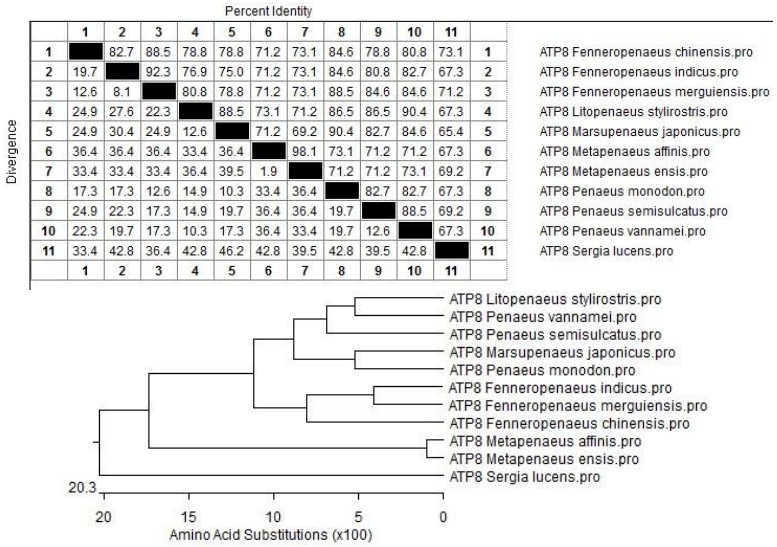
همچنین بر اساس اطلاعات تبارشناختی توالی‌های نوکلئوتیدی تمامی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها بجز ژن *COX3* گونه‌های میگوی موزی و میگوی سفید هندی با یکدیگر یک زیرخوشه متمایز را تشکیل دادند. اطلاعات تبارشناختی توالی‌های نوکلئوتیدی تمامی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها نشان داد که گونه میگوی ببری ژاپنی (کروما) به طور مجزا در یک زیرخوشه قرار گرفت. بر اساس اطلاعات تبارشناختی توالی‌های نوکلئوتیدی تمامی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها بجز ژن‌های *ND3* و *ND4L*، گونه میگوی ببری سبز در یک زیرخوشه متمایز قرار گرفت. تجزیه و تحلیل تبارشناختی توالی‌های نوکلئوتیدی تمامی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها بجز ژن‌های *ND1*، *COX2*، *ND3* و *ND4L*، گونه میگوی ببری سیاه را در یک زیرخوشه مجزا قرار داد. همچنین گونه میگوی سفید چینی بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی تمامی ژن‌ها بجز ژن‌های *ND1*، *COX2* و *COX3* در یک زیرخوشه متمایز قرار گرفت (شکل ۳). با وجود ترتیب متفاوت گونه‌ها در درخت‌های تبارنمای ترسیم شده بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها، نتایج بالا مشابه نتایج به دست آمده از مقایسه ژنوم کامل میتوکندریایی گونه‌های مورد مطالعه بود و تغییرات محسوسی در خوشه‌بندی گونه‌های مورد مطالعه شناسایی نشد.

هم‌ردیف‌سازی و شباهت ژنتیکی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها بر اساس توالی‌های آمینواسیدی

بر اساس توالی آمینواسیدی ژن‌های *COX2*، *ND1*، *ND3*، *ND5*، *ND6* و *ND4L* گونه‌های میگوی سفید هندی و میگوی موزی بیشترین شباهت ژنتیکی را به ترتیب با ۹۹/۶، ۹۸/۷، ۹۷/۴، ۹۷/۴، ۹۴/۲ و ۱۰۰ درصد شباهت داشتند (شکل ۴). این نتیجه مشابه نتایج به دست آمده از مقایسه ژنوم کامل میتوکندریایی گونه‌های مورد مطالعه بود. بر اساس توالی آمینواسیدی ژن‌های *ATP6*، *COX3*، *ND1*، *ND2*، *ND3*، *ND4* و *ND6* گونه‌های میگوی آبی و میگوی سفید غربی بیشترین شباهت ژنتیکی را به ترتیب با ۹۸/۷، ۱۰۰، ۹۸/۷، ۹۷/۳، ۹۷/۴، ۹۸/۷ و ۹۴/۲ درصد داشتند (شکل ۴). بر اساس توالی آمینواسیدی ژن‌های *ATP6*،

ATP8، *COX2*، *COX3*، *ND1* و *CYTB* ۹۸/۷، ۹۸/۱، ۹۹/۶، ۱۰۰، ۹۸/۷ و ۹۹/۷ درصد سرتیز بیشترین شباهت ژنتیکی را به ترتیب با داشتند (شکل ۴).

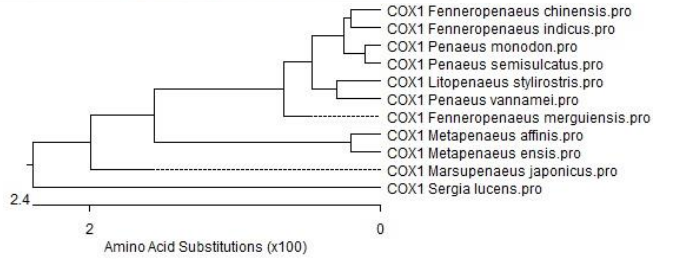




Percent Identity

Divergence

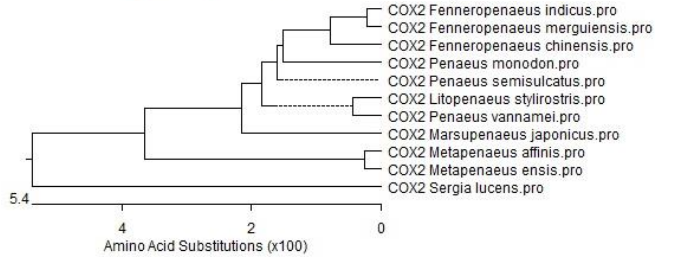
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		
1		99.6	99.0	98.6	98.2	97.1	97.3	99.4	99.6	99.0	95.9	1	COX1 Fenneropenaeus chinensis.pro
2	0.4		99.4	99.0	98.2	97.1	97.3	99.4	99.6	99.4	95.9	2	COX1 Fenneropenaeus indicus.pro
3	1.0	0.6		98.8	98.4	97.3	97.5	99.2	99.4	99.2	96.1	3	COX1 Fenneropenaeus merguiensis.pro
4	1.4	1.0	1.2		98.2	96.7	96.9	98.8	99.0	99.4	95.7	4	COX1 Litopenaeus stylirostris.pro
5	1.8	1.8	1.6	1.8		96.7	96.9	98.4	98.6	98.6	96.9	5	COX1 Marsupenaeus japonicus.pro
6	3.0	3.0	2.8	3.4	3.4		99.6	97.1	96.9	97.1	94.9	6	COX1 Metapenaeus affinis.pro
7	2.8	2.8	2.6	3.2	3.2	0.4		97.3	97.5	97.3	95.1	7	COX1 Metapenaeus ensis.pro
8	0.6	0.6	0.8	1.2	1.6	3.0	2.8		99.8	99.2	96.3	8	COX1 Penaeus monodon.pro
9	0.4	0.4	0.6	1.0	1.4	3.2	2.6	0.2		99.4	96.3	9	COX1 Penaeus semisulcatus.pro
10	1.0	0.6	0.8	0.6	1.4	3.0	2.8	0.8	0.6		96.1	10	COX1 Penaeus vannamei.pro
11	4.2	4.2	4.0	4.4	3.2	5.3	5.1	3.8	3.8	4.0		11	COX1 Sergia lucens.pro
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		



Percent Identity

Divergence

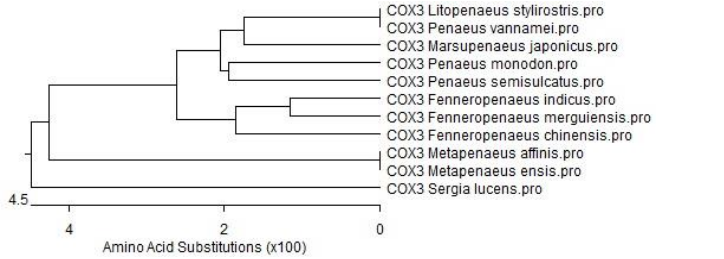
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		
1		98.2	98.7	97.4	95.6	91.7	92.1	96.9	98.3	97.4	89.1	1	COX2 Fenneropenaeus chinensis.pro
2	1.8		99.6	97.4	96.5	92.5	93.0	96.9	98.2	97.4	91.2	2	COX2 Fenneropenaeus indicus.pro
3	1.3	0.4		97.8	96.9	93.0	93.4	97.4	98.7	97.8	90.4	3	COX2 Fenneropenaeus merguiensis.pro
4	2.7	2.7	2.2		96.5	92.6	93.0	97.4	99.1	99.1	90.4	4	COX2 Litopenaeus stylirostris.pro
5	4.5	3.6	3.1	3.6		93.9	94.3	95.6	97.4	97.4	90.8	5	COX2 Marsupenaeus japonicus.pro
6	8.8	7.9	7.3	7.8	6.4		99.6	92.1	93.4	93.4	89.5	6	COX2 Metapenaeus affinis.pro
7	8.3	7.4	6.9	7.3	5.9	0.4		92.6	93.9	93.9	90.0	7	COX2 Metapenaeus ensis.pro
8	3.1	3.1	2.7	2.7	4.5	8.3	7.8		98.3	97.4	89.5	8	COX2 Penaeus monodon.pro
9	1.8	1.8	1.3	0.9	2.7	6.9	6.4	1.8		99.1	90.4	9	COX2 Penaeus semisulcatus.pro
10	2.7	2.7	2.2	0.9	2.7	6.9	6.4	2.7	0.9		89.5	10	COX2 Penaeus vannamei.pro
11	11.8	9.3	10.3	10.3	9.8	11.3	10.8	11.3	10.3	11.3		11	COX2 Sergia lucens.pro
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		



Percent Identity

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		
1		96.2	96.6	94.7	94.7	92.0	92.0	95.4	95.1	94.7	89.4	1	COX3 Fenneropenaeus chinensis.pro
2	3.9		97.7	96.2	94.7	92.0	92.0	95.1	94.3	96.2	92.0	2	COX3 Fenneropenaeus indicus.pro
3	3.5	2.3		94.3	94.7	91.6	91.6	95.4	94.7	94.3	91.3	3	COX3 Fenneropenaeus merguiensis.pro
4	5.5	3.9	5.9		96.6	92.0	92.0	96.2	96.2	100.0	90.9	4	COX3 Litopenaeus stylirostris.pro
5	5.5	5.5	5.5	3.5		92.4	92.4	95.8	95.8	96.6	90.9	5	COX3 Marsupenaeus japonicus.pro
6	8.5	8.5	8.9	8.5	8.0		100.0	92.0	92.4	92.0	92.4	6	COX3 Metapenaeus affinis.pro
7	8.5	8.5	8.9	8.5	8.0	0.0		92.0	92.4	92.0	92.4	7	COX3 Metapenaeus ensis.pro
8	4.7	5.1	4.7	3.9	4.3	8.5	8.5		96.2	96.2	89.7	8	COX3 Penaeus monodon.pro
9	5.1	5.9	5.5	3.9	4.3	8.0	8.0	3.9		96.2	91.3	9	COX3 Penaeus semisulcatus.pro
10	5.5	3.9	5.9	0.0	3.5	8.5	8.5	3.9	3.9		90.9	10	COX3 Penaeus vannamei.pro
11	11.5	8.5	9.3	9.8	9.8	8.0	8.0	11.1	9.3	9.8		11	COX3 Sergia lucens.pro
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		

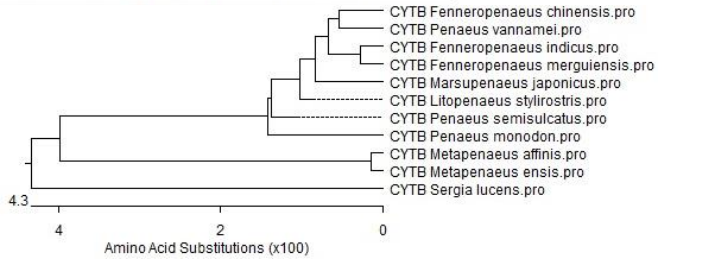
Divergence



Percent Identity

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		
1		98.9	98.9	98.9	98.4	92.9	92.6	97.6	98.4	98.9	92.1	1	CYTB Fenneropenaeus chinensis.pro
2	1.1		99.5	98.9	98.4	93.1	92.9	97.6	98.4	98.4	92.1	2	CYTB Fenneropenaeus indicus.pro
3	1.1	0.5		98.9	98.4	92.6	92.3	97.6	98.7	98.4	92.3	3	CYTB Fenneropenaeus merguiensis.pro
4	1.1	1.1	1.1		98.7	92.9	92.6	98.1	99.2	98.9	92.3	4	CYTB Litopenaeus stylirostris.pro
5	1.6	1.6	1.6	1.3		92.9	92.6	97.6	98.1	98.1	91.5	5	CYTB Marsupenaeus japonicus.pro
6	7.5	7.2	7.8	7.5	7.5		99.7	93.1	92.6	92.6	91.8	6	CYTB Metapenaeus affinis.pro
7	7.8	7.5	8.1	7.8	7.8	0.3		92.9	92.3	92.3	92.1	7	CYTB Metapenaeus ensis.pro
8	2.4	2.4	2.4	1.9	2.4	7.2	7.5		98.1	97.1	91.5	8	CYTB Penaeus monodon.pro
9	1.6	1.6	1.3	0.8	1.9	7.8	8.1	1.9		98.1	92.3	9	CYTB Penaeus semisulcatus.pro
10	1.1	1.6	1.6	1.1	1.9	7.8	8.1	3.0	1.9		91.3	10	CYTB Penaeus vannamei.pro
11	8.4	8.4	8.1	8.1	9.0	8.7	8.4	9.0	8.1	9.3		11	CYTB Sergia lucens.pro
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		

Divergence

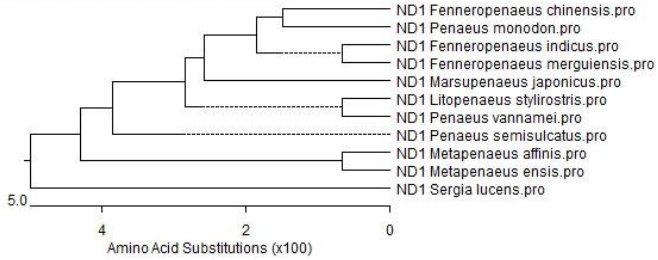


Percent Identity

Divergence

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		97.4	97.4	97.1	95.2	92.9	92.6	97.1	96.5	96.8	91.0	1
2	2.6		98.7	96.5	95.2	92.0	91.7	96.8	96.2	96.2	90.4	2
3	2.6	1.3		97.1	96.5	92.6	92.3	97.1	96.2	97.4	90.7	3
4	2.9	3.6	2.9		96.5	92.9	93.6	96.2	96.8	98.7	92.0	4
5	5.0	5.0	3.6	3.6		92.9	93.9	94.9	94.9	96.5	91.0	5
6	7.4	8.5	7.8	7.4	7.4		98.7	91.7	94.6	93.9	91.0	6
7	7.8	8.9	8.1	6.7	6.4	1.3		92.0	94.2	94.2	91.3	7
8	2.9	3.3	2.9	4.0	5.3	8.9	8.5		95.5	95.8	90.7	8
9	3.6	4.0	4.0	3.3	5.3	5.7	6.0	4.6		97.1	92.3	9
10	3.3	4.0	2.6	1.3	3.6	6.4	6.0	4.3	2.9		91.7	10
11	9.6	10.3	9.9	8.5	9.6	9.6	9.2	9.9	8.1	8.9		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

1 ND1 Fenneropenaeus chinensis.pro
2 ND1 Fenneropenaeus indicus.pro
3 ND1 Fenneropenaeus merguiensis.pro
4 ND1 Litopenaeus stylirostris.pro
5 ND1 Marsupenaeus japonicus.pro
6 ND1 Metapenaeus affinis.pro
7 ND1 Metapenaeus ensis.pro
8 ND1 Penaeus monodon.pro
9 ND1 Penaeus semisulcatus.pro
10 ND1 Penaeus vannamei.pro
11 ND1 Sergia lucens.pro

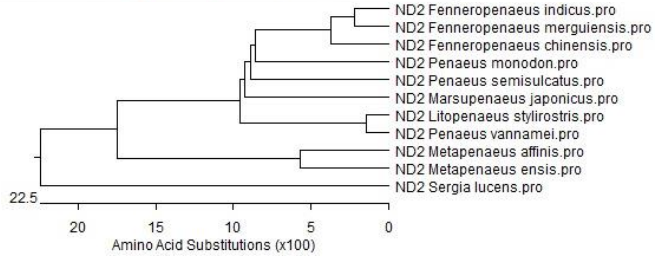


Percent Identity

Divergence

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1		92.8	93.1	85.3	82.9	70.0	70.6	84.7	85.6	85.9	66.7	1
2	7.6		95.8	85.9	85.9	70.6	71.2	85.0	85.9	86.5	66.1	2
3	7.3	4.3		86.5	84.1	70.6	71.2	84.7	86.5	86.8	65.5	3
4	16.4	15.7	14.9		82.9	72.4	73.3	80.5	83.2	97.3	67.0	4
5	19.5	15.7	17.9	19.5		72.7	74.5	81.4	84.7	83.5	66.7	5
6	38.3	37.3	37.3	34.5	34.0		89.5	68.5	70.6	72.7	64.9	6
7	37.3	36.4	36.4	33.1	31.2	11.4		68.8	71.8	72.7	65.8	7
8	17.2	16.8	17.2	22.7	21.5	40.8	40.3		82.6	80.2	65.5	8
9	16.1	15.7	14.9	19.1	17.2	37.3	35.4	19.9		83.5	65.8	9
10	15.7	14.9	14.6	2.8	18.7	34.0	34.0	23.1	18.7		67.0	10
11	43.9	45.0	46.1	43.4	43.9	47.2	45.5	46.1	45.5	43.4		11
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	

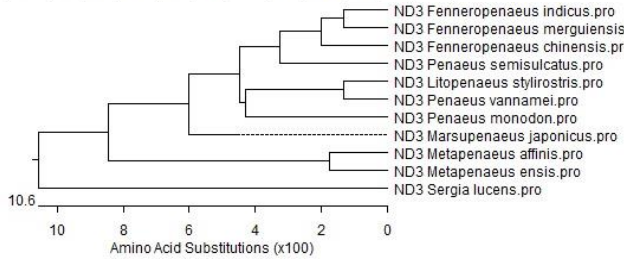
1 ND2 Fenneropenaeus chinensis.pro
2 ND2 Fenneropenaeus indicus.pro
3 ND2 Fenneropenaeus merguiensis.pro
4 ND2 Litopenaeus stylirostris.pro
5 ND2 Marsupenaeus japonicus.pro
6 ND2 Metapenaeus affinis.pro
7 ND2 Metapenaeus ensis.pro
8 ND2 Penaeus monodon.pro
9 ND2 Penaeus semisulcatus.pro
10 ND2 Penaeus vannamei.pro
11 ND2 Sergia lucens.pro



Percent Identity

Divergence

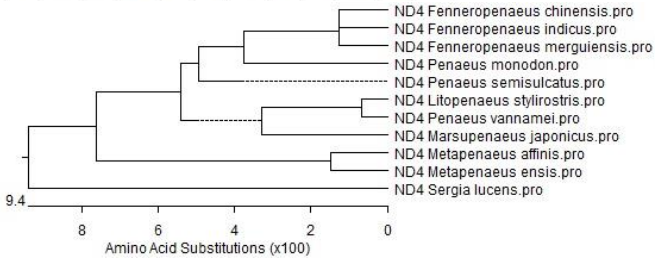
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		
1		97.4	94.9	92.3	93.2	84.6	85.5	91.5	94.9	91.5	82.9	1	ND3 Fenneropenaeus chinensis.pro
2	2.6		97.4	92.3	94.9	84.6	85.5	91.5	93.2	91.5	81.2	2	ND3 Fenneropenaeus indicus.pro
3	5.3	2.6		91.5	94.9	86.3	85.5	90.6	92.3	90.6	82.1	3	ND3 Fenneropenaeus merguiensis.pro
4	8.1	8.1	9.1		94.0	86.3	88.9	92.3	93.2	97.4	82.1	4	ND3 Litopenaeus stylirostris.pro
5	7.2	5.3	5.3	6.2		88.0	88.9	91.5	92.3	93.2	84.6	5	ND3 Marsupenaeus japonicus.pro
6	17.3	17.3	15.1	15.1	13.1		96.6	82.1	85.5	84.6	81.2	6	ND3 Metapenaeus affinis.pro
7	16.2	16.2	16.2	12.1	12.1	3.5		84.6	85.5	87.2	81.2	7	ND3 Metapenaeus ensis.pro
8	9.1	9.1	10.1	8.1	9.1	20.6	17.3		90.6	91.5	82.9	8	ND3 Penaeus monodon.pro
9	5.3	7.2	8.1	7.2	8.1	16.2	16.2	10.1		92.3	83.8	9	ND3 Penaeus semisulcatus.pro
10	9.1	9.1	10.1	2.6	7.2	17.3	14.1	9.1	8.1		81.2	10	ND3 Penaeus vannamei.pro
11	19.5	21.7	20.6	20.6	17.3	21.7	21.7	19.5	18.4	21.7		11	ND3 Sergia lucens.pro
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		



Percent Identity

Divergence

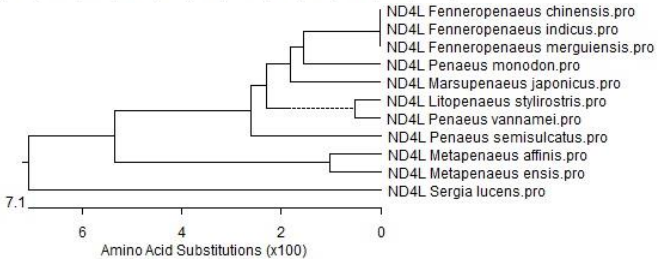
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		
1		97.5	96.9	93.0	92.8	87.9	87.9	92.4	95.1	92.8	85.7	1	ND4 Fenneropenaeus chinensis.pro
2	2.5		98.2	94.4	93.7	88.1	88.8	93.0	95.7	94.6	85.0	2	ND4 Fenneropenaeus indicus.pro
3	3.2	1.8		94.6	93.3	87.2	88.3	93.0	96.0	94.4	85.2	3	ND4 Fenneropenaeus merguiensis.pro
4	7.3	5.8	5.6		93.5	87.7	87.7	91.0	93.7	98.7	85.2	4	ND4 Litopenaeus stylirostris.pro
5	7.6	6.6	7.1	6.8		87.0	87.2	91.0	93.3	93.9	85.4	5	ND4 Marsupenaeus japonicus.pro
6	13.2	13.0	14.0	13.5	14.3		97.1	85.7	88.8	87.7	83.4	6	ND4 Metapenaeus affinis.pro
7	13.2	12.2	12.7	13.5	14.0	3.0		86.1	88.8	87.9	82.7	7	ND4 Metapenaeus ensis.pro
8	8.1	7.3	7.3	9.6	9.6	16.0	15.4		92.6	91.7	83.0	8	ND4 Penaeus monodon.pro
9	5.1	4.4	4.2	6.6	7.1	12.2	12.2	7.8		93.9	85.7	9	ND4 Penaeus semisulcatus.pro
10	7.6	5.6	5.8	1.4	6.3	13.5	13.2	8.8	6.3		85.7	10	ND4 Penaeus vannamei.pro
11	16.0	16.8	16.5	16.5	16.3	18.8	19.7	19.4	16.0	16.0		11	ND4 Sergia lucens.pro
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		



Percent Identity

Divergence

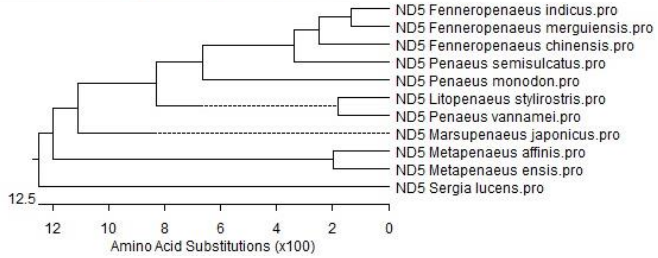
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		
1		100.0	100.0	98.0	98.0	89.9	90.9	97.0	97.0	99.0	86.9	1	ND4L Fenneropenaeus chinensis.pro
2	0.0		100.0	98.0	98.0	89.9	90.9	97.0	97.0	99.0	86.9	2	ND4L Fenneropenaeus indicus.pro
3	0.0	0.0		98.0	98.0	89.9	90.9	97.0	97.0	99.0	86.9	3	ND4L Fenneropenaeus merguiensis.pro
4	2.0	2.0	2.0		96.0	90.9	90.9	94.9	94.9	99.0	87.9	4	ND4L Litopenaeus stylirostris.pro
5	2.0	2.0	2.0	4.2		89.9	90.9	94.9	94.9	97.0	84.8	5	ND4L Marsupenaeus japonicus.pro
6	10.9	10.9	10.9	9.7	10.9		98.0	87.9	89.9	90.9	87.9	6	ND4L Metapenaeus affinis.pro
7	9.7	9.7	9.7	9.7	9.7	2.0		88.9	90.9	91.9	87.9	7	ND4L Metapenaeus ensis.pro
8	3.1	3.1	3.1	5.2	5.2	13.3	12.1		93.9	96.0	84.8	8	ND4L Penaeus monodon.pro
9	3.1	3.1	3.1	5.2	5.2	10.9	9.7	6.3		96.0	86.9	9	ND4L Penaeus semisulcatus.pro
10	1.0	1.0	1.0	1.0	3.1	9.7	8.6	4.2	4.2		87.9	10	ND4L Penaeus vannamei.pro
11	14.5	14.5	14.5	13.3	17.0	13.3	13.3	17.0	14.5	13.3		11	ND4L Sergia lucens.pro
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		

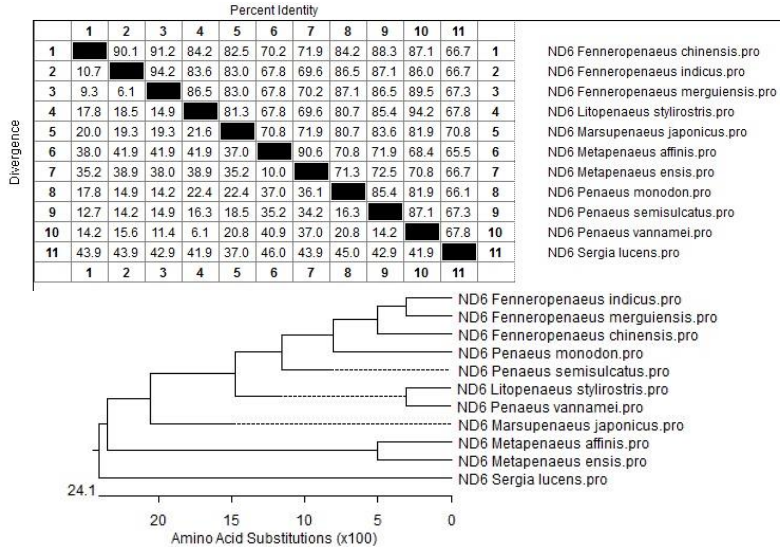


Percent Identity

Divergence

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		
1		94.8	95.6	91.3	90.1	84.6	85.2	87.8	93.2	92.2	81.4	1	ND5 Fenneropenaeus chinensis.pro
2	5.4		97.4	92.3	91.5	83.9	84.5	88.3	93.7	92.7	82.2	2	ND5 Fenneropenaeus indicus.pro
3	4.5	2.7		92.2	91.8	83.8	85.0	88.7	94.3	93.0	82.2	3	ND5 Fenneropenaeus merguiensis.pro
4	9.3	8.1	8.3		90.9	82.2	83.2	85.7	91.5	96.5	81.2	4	ND5 Litopenaeus stylirostris.pro
5	10.7	9.1	8.7	9.7		83.6	84.3	84.8	90.1	92.2	82.3	5	ND5 Marsupenaeus japonicus.pro
6	17.2	18.1	18.3	20.4	18.6		96.2	79.6	83.9	83.6	79.9	6	ND5 Metapenaeus affinis.pro
7	16.6	17.5	16.8	19.0	17.7	3.9		79.9	84.5	84.8	79.9	7	ND5 Metapenaeus ensis.pro
8	13.3	12.7	12.3	15.9	17.0	23.9	23.4		87.6	86.9	78.9	8	ND5 Penaeus monodon.pro
9	7.1	6.6	6.0	9.1	10.7	18.1	17.5	13.6		92.2	81.4	9	ND5 Penaeus semisulcatus.pro
10	8.3	7.7	7.3	3.6	8.3	18.6	17.0	14.4	8.3		82.4	10	ND5 Penaeus vannamei.pro
11	21.5	20.3	20.3	21.7	20.2	23.4	23.4	24.8	21.5	20.1		11	ND5 Sergia lucens.pro
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		





شکل ۴: درصد شباهت، واگرایی و درخت تبارنما بر مبنای توالی‌های آمینواسیدی ژن‌های *ND1*، *ND2*، *ND3*، *ND4*، *ND5*، *ND6*، *COX1*، *COX2*، *COX3*، *ATP6*، *ATP8*، *ND4L* و *CYTB* در گونه‌های مورد بررسی. گونه *Sergia lucens* به عنوان برون‌گروه (Outgroup) در نظر گرفته شده است.

بیشترین شباهت ژنتیکی بین گونه‌های میگوی مورد مطالعه بر اساس توالی آمینواسیدی ژن *COX1* بین گونه‌های میگوی ببری سیاه و میگوی ببری سبز با ۹۹/۸ درصد شباهت، بر اساس توالی آمینواسیدی ژن‌های *ND3* و *ND4L* بین گونه‌های میگوی سفید چینی و میگوی سفید هندی به ترتیب ۹۷/۴ و ۱۰۰ درصد شباهت و بر اساس توالی آمینواسیدی ژن *ND4L* بین گونه‌های میگوی سفید چینی و میگوی موزی با ۱۰۰ درصد شباهت وجود داشت (شکل ۴).

تجزیه و تحلیل تبارشناختی بر اساس توالی‌های آمینواسیدی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها

تجزیه و تحلیل تبارشناختی بر اساس توالی‌های آمینواسیدی تمامی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها نشان داد که گونه‌های میگوی پشت چرب و میگوی سفید سرتیز در یک زیرخوشه جداگانه قرار گرفتند. طبق اطلاعات تبارشناختی توالی‌های آمینواسیدی تمامی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها بجز ژن *CYTB* گونه میگوی آبی همراه با گونه میگوی سفید غربی یک زیرخوشه متمایز را تشکیل دادند. همچنین، تجزیه و

تحلیل تبارشناختی توالی‌های آمینواسیدی تمامی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها بجز ژن *COX1* دو گونه میگوی موزی و میگوی سفید هندی را با یکدیگر در یک زیرخوشه‌ی متمایز قرار داد (شکل ۴). با وجود ترتیب متفاوت گونه‌ها در درخت‌های تبارنمای ترسیم شده بر اساس توالی‌های آمینواسیدی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها، نتایج بالا مشابه نتایج به دست آمده از مقایسه ژنوم کامل میتوکندریایی گونه‌های مورد مطالعه بود و تغییرات محسوسی در خوشه‌بندی گونه‌های مورد مطالعه شناسایی نشد.

بحث

DNA میتوکندریایی (mtDNA) به دلیل وزن مولکولی کوچک، وراثت پذیری مادری، نرخ جهش بالا و عدم نوترکیبی، به طور گسترده به عنوان یک نشانگر ژنتیکی مولکولی در تجزیه و تحلیل تبارشناختی و ژنتیک جمعیت استفاده می‌شود. با توسعه سریع فناوری توالی‌یابی نسل جدید، توالی کامل ژنوم میتوکندریایی (میتوژنوم) برای گونه‌های مختلف میگو در دسترس‌تر شده است. توالی‌یابی کامل میتوژنوم ابزار قدرتمندی برای تجزیه و تحلیل تاریخچه تکاملی و ارتباط گونه‌ها است. در بیشتر جانوران، ژنوم میتوکندریایی یک مولکول DNA دو رشته‌ای حلقوی با اندازه تقریبا ۱۴ تا ۲۰ کیلوباز است که شامل ۱۳ ژن رمزگر پروتئین (Protein-coding genes: PCGs)، ۲۲ ژن RNA ناقل (tRNAs)، ۲ ژن RNA ریبوزومی (*16S rRNA* و *12S rRNA*) و یک ناحیه غنی از AT به نام منطقه کنترلی (CR) است (Guo et al., 2021).

به منظور طبقه‌بندی صحیح گونه‌های میگو، بررسی روابط تبارشناختی با استفاده از نشانگرهای DNA میتوکندریایی و هسته‌ای پیشنهاد شده است. اگرچه امروزه علم تاکسونومی توسط سیستم بارکدینگ DNA متحول شده است، اما در طبقه‌بندی سنتی بر اساس میتوکندری، تنها توالی جزئی از یک ژن استفاده می‌شود (Katneni et al., 2021). برای مثال، تجزیه و تحلیل تنوع توالی ژن *COI* در میگوهای جنس *Penaeus* نشان داد که برای مشخص شدن روابط تکاملی واقعی در این جنس و طبقه‌بندی دقیق‌تر از زیرجنس‌های آن نیاز به اطلاعات توالی DNA از گونه‌های دیگر میگوهای خانواده Penaeidae است (Baldwin et al., 1998). با این حال، اگر فقط از یک بخش جزئی از ژنوم استفاده شود، این توالی ممکن است حداقل در برخی موارد فاقد

اطلاعات کافی باشد (Katneni et al., 2021). از طرفی، وضوح تبارشناختی را می‌توان با افزایش حجم اطلاعات توالی‌ها افزایش داد و اصلاح کرد. بنابراین، ژنوم کامل میتوکندریایی یک نشانگر مناسب برای تبارشناختی، تنوع ژنتیکی جمعیت و وراثت‌پذیری مادری است (Ma et al., 2015).

بالاخانواده Penaeoidea یکی از دو بالاخانواده بزرگ از زیرراسته آبشش‌منشعبان است که شامل بیش از ۴۰۰ گونه مختلف است که هم در آب‌های کم عمق و هم در مناطق بسیار عمیق (زیر ۵۰۰۰ متر) زندگی می‌کنند. این گونه‌ها بیش از یک سوم از صید سالانه سخت‌پوستان وحشی را تشکیل می‌دهند. با وجود اهمیت اقتصادی این بالاخانواده، به دلیل تشابه ریخت‌شناسی و تنوع بوم‌شناختی بالا، طبقه‌بندی و ارتباط تبارشناختی آنها پیچیده و چالش برانگیز بوده است (Guo et al., 2021). گونه‌های بالاخانواده Penaeoidea در چهار خانواده به نام‌های Aristeidae، Solenoceridae، Penaeidae و Sicyoniidae طبقه‌بندی می‌شوند. مطالعات ژنتیک مولکولی اخیر نشان می‌دهند که بالاخانواده Penaeoidea شامل یک خانواده پنجم به نام Benthesicymidae نیز است. علاوه بر این، آخرین اطلاعات مولکولی نشان می‌دهند که خانواده Sicyoniidae ممکن است یک خانواده معتبر نباشد، زیرا تبارشناختی آن به خانواده Penaeidae مرتبط شده است (Robalino et al., 2016; Cheng et al., 2018; Guo et al., 2021). میگوهای خانواده Penaeidae بزرگترین مجموعه از بالاخانواده Penaeoidea هستند که می‌توان آنها را مهم‌ترین آبزیان پرورشی از گروه سخت‌پوستان دانست که طی دهه‌های اخیر جایگاه اقتصادی مهمی در صنعت آبزی‌پروری جهان کسب کرده‌اند (Hurzaid et al., 2020).

پرورش میگوهای خانواده Penaeidae در بسیاری از کشورهای در حال توسعه گرمسیری از نظر کسب درآمد صادراتی و حمایت از معیشت روستایی بسیار مهم بوده است (Bush et al., 2010). میگوهای خانواده Penaeidae در آب‌های مناطق حاره در سرتاسر جهان، از مدار عرض ۴۰ درجه شمالی تا ۴۰ درجه جنوبی، گسترده هستند و مرکز توزیع آنها در منطقه هند- آرام غربی است (Hurzaid et al., 2020). مراکز عمده صید میگوهای خانواده Penaeidae در دریای جنوبی چین و نزدیک اندونزی، دریای عرب، خلیج کارپنتاریا (آب‌های استرالیا)، خلیج مکزیک و اقیانوس هند هستند.

عمده‌ترین گونه‌های میگو در آب‌های جنوب ایران شامل میگوهای ببری سبز، موزی، سفید هندی، سفید سرتیز و خنجری (*Parapenaopsis stylifera*) هستند (Niamaimandi et al., 2009). از این میان، دو گونه میگوی ببری سبز و موزی از نظر اقتصادی اهمیت بیشتری دارند. میگوی ببری سبز، گونه عمده و صید اصلی میگوی خلیج فارس است که در سرتاسر آب‌های ایرانی این خلیج دیده می‌شود، ولی زیستگاه اصلی آن آب‌های استان بوشهر است. صیدگاه اصلی و محیط زیست گونه میگوی موزی در آب‌های هرمزگان بوده و در مناطق دیگر دیده نشده است (Niamaimandi et al., 2009). بیشتر مطالعات ژنتیکی مولکولی اخیر بر روی گونه‌های میگوی خانواده Penaeidae بر اساس ژنوم‌های جزئی میتوکندریایی بوده است. استفاده از توالی‌های DNA طولانی‌تر و میتوژنوم‌ها به بهبود درک روابط تبارشناختی میگوهای خانواده Penaeidae کمک خواهد کرد (Rajakumarana et al., 2014). بنابراین هدف از این مطالعه درک روابط تبارشناختی برای ۱۰ گونه مهم میگوی خانواده Penaeidae بر اساس توالی کامل ژنوم میتوکندریایی و توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین به ازای هر ژنوم بود. نتایج این مطالعه نشان داد که گونه میگوی آبی همراه با گونه میگوی سفید غربی در یک زیرخوشه مجزا قرار گرفته‌اند. این نتیجه با نتایج مطالعه‌ای که از ادغام اطلاعات ژن‌های میتوکندریایی *16S rRNA* و *COI* به منظور بررسی تبارشناختی و تاریخچه تکاملی ۱۹ گونه میگو از جنس *Penaeus* با استفاده از روش بالاترین درست‌نمایی (ML) انجام گرفت، مطابقت داشت (Lavery et al., 2004). هر دوی این گونه‌ها از نظر موقعیت زیست‌جغرافیایی مربوط به شرق اقیانوس آرام از شمال مکزیک تا پرو هستند و در اعماق صفر تا ۲۷ متری زیست می‌کنند (Tazikeh, 2010). همچنین نتایج مشابهی در مطالعاتی که توسط Zhu و همکاران (۲۰۱۹) و Katneni و همکاران (۲۰۲۱) به منظور شناسایی روابط تبارشناختی در به ترتیب ۱۷ و ۲۷ ژنوم کامل میتوکندریایی از زیرکلاس Prosobranchia به دست آمد. در مطالعه دیگری که ارتباط تبارشناختی برای ۳۲ توالی کامل میتوژنوم از زیرراسته آبشش‌منشعبان با استفاده از روش‌های بالاترین درست‌نمایی و استنباط بیزی (Bayesian Inference: BI) بررسی شد، نتایج مشابهی گزارش شد (Guo et al., 2021).

نتایج مطالعه حاضر نشان داد که گونه میگوی پشت چرب همراه با گونه میگوی سفید سرتیز یک زیرخوشه مجزا را تشکیل دادند. این نتیجه با نتایج مطالعه‌ای که از توالی‌های ادغام شده دو ژن میتوکندریایی *16S rRNA* و *COI* به منظور شناسایی تبارشناختی ۱۲ گونه میگو از بالاخانواده Penaeoidea انجام گرفت، مطابقت داشت (Quan et al., 2004). همچنین نتایج مشابهی در مطالعاتی که توسط Katneni و همکاران (۲۰۲۱) به منظور شناسایی روابط تبارشناختی برای ۲۷ ژنوم کامل میتوکندریایی از زیرکلاس Prosobranchia و Guo و همکاران (۲۰۲۱) به منظور بررسی ارتباط تبارشناختی برای ۳۲ توالی کامل میتوژنوم از زیرراسته آبشش‌منشعبان به دست آمد.

با وجود ترتیب متفاوت گونه‌ها در درخت‌های تبارنمای ترسیم شده، نتایج به دست آمده از تجزیه و تحلیل‌های تبارشناختی بر اساس توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی تمامی ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها (به استثنای تعداد محدودی از ژن‌ها) با نتایج به دست آمده بر اساس ژنوم‌های کامل میتوکندریایی یکسان بود و تغییرات محسوسی در خوشه‌بندی گونه‌های مورد مطالعه شناسایی نشد. بنابراین به نظر می‌رسد که تجزیه و تحلیل تبارشناختی بر اساس ژنوم‌های کامل میتوکندریایی منتج به خوشه‌بندی صحیح گونه‌های میگوی مورد مطالعه شد. عدم تطابق نتایج تبارشناختی بر اساس توالی‌های آمینواسیدی برای برخی از ژن‌های رمزگر پروتئین‌ها با نتایج به دست آمده از توالی‌های ژنوم کامل میتوکندریایی را می‌توان به پدیده لغزش (Wobbling) نسبت داد. طبق این پدیده، با توجه به ماهیت کدونی هر آمینواسید (تشکیل شده از ۳ باز)، با وجود بروز تغییرات نوکلئوتیدی در توالی بازها (بویژه در باز سوم هر کدون)، تغییری در نوع برخی از آمینواسیدها ایجاد نمی‌شود. بنابراین، به طور کلی درصد تشابه ژنتیکی بر اساس توالی‌های آمینواسیدی می‌تواند بالاتر از مقایسه توالی‌های نوکلئوتیدی باشد (Nasvall et al., 2007).

در مجموع، در مطالعه حاضر، شباهت‌های ژنتیکی و تجزیه و تحلیل تبارشناختی ۱۰ گونه مهم میگوی خانواده Penaeidae بر اساس توالی کامل ژنوم میتوکندریایی و توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین به ازای هر ژنوم مورد بررسی قرار گرفت. در مطالعه تبارشناختی بر اساس توالی‌های ژنوم کامل میتوکندریایی، دو خوشه اصلی شناسایی شد. گونه‌های میگوی پشت

چرب و سفید سرتیز، گونه‌های میگوی آبی و سفید غربی و گونه‌های میگوی موزی و سفید هندی در زیرخوشه‌های متمایز قرار گرفتند. نتایج تبارشناختی توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی ۱۳ ژن رمزگر پروتئین‌ها (به استثنای تعداد محدودی از ژن‌ها) با نتایج به دست آمده از مقایسه توالی‌های ژنوم کامل میتوکندریایی مشابه بودند. اطلاعات به دست آمده در این مطالعه، درک بهتری از روابط تبارشناختی گونه‌های میگوی خانواده Penaeidae از طریق شناسایی مولکولی آنها را فراهم می‌کند و توالی‌های ژنوم میتوکندریایی می‌توانند برای بررسی طیف گسترده‌ای از تجزیه و تحلیل‌های دقیق تبارشناختی و ژنتیکی گونه‌های متفاوت میگو مورد استفاده قرار گیرند.

منابع

Abdoli R., Mazumder T.H., Nematollahian S., Sourati Zanjani R., Abdolahi Mesbah R. and Uddin A. 2022. Gaining insights into the compositional constraints and molecular phylogeny of five silkworms mitochondrial genome. International Journal of Biological Macromolecules, 206: 543–552. doi: 10.1016/j.ijbiomac.2022.02.135

Alfaro-Montoya J., Braga A. and Umana-Castro R. 2019. Research frontiers in penaeid shrimp reproduction: Future trends to improve commercial production. Aquaculture, 503: 70–87. doi: 10.1016/j.aquaculture.2018.12.068

Amelia F., Yustiati A. and Andriani Y. 2021. Review of shrimp (*Litopenaeus vannamei* (Boone, 1931)) farming in Indonesia: Management operating and development. World Scientific News, 158: 145–158.

Arulmoorthy M.P., Anandajothi E., Vasudevan S. and Suresh E. 2020. Major viral diseases in culturable penaeid shrimps: A review. Aquaculture International, 28: 1939–1967. doi: 10.1007/s10499-020-00568-3

Atashbar B., Agh N., Manaffar R., Stappen G.V., Mohamadyari A., Mertens J. and Beladjal L. 2016. Morphometric and preliminary genetic characteristics of *Branchinecta orientalis* populations from Iran (Crustacea: Anostraca). Zootaxa, 4109(1): 31–45. doi: 10.11646/zootaxa.4109.1.3

Atashbar B.A. and Roohi M. 2021. First record of *Branchipodopsis affinis* Sars, 1901 (Crustacea: Anostraca) in Iran (Bazargan, West Azerbaijan), ecology, morphology and genetics. Zootaxa, 4908(4): 558–570. doi: 10.11646/zootaxa.4908.4.8

Baldwin J.D., Bass A.L., Bowen B.W. and Clark Jr W.H. 1998. Molecular phylogeny and biogeography of the marine shrimp *Penaeus*. Molecular Phylogenetics and Evolution, 10(3): 399–407. doi: 10.1006/mpev.1998.0537

Burland T.G. 1999. DNASTAR's Lasergene sequence analysis software. Methods in Molecular Biology, 132: 71–91. doi: 10.1385/1-59259-192-2:71

Bush S.R., Van Zwieten P.A., Visser L., Van Dijk H., Bosma R., De Boer W.F. and Verdegem M. 2010. Scenarios for resilient shrimp aquaculture in tropical coastal areas. Ecology and Society, 15(2): 1–18. doi: 10.5751/ES-03331-150215

Cheng J., Chan T.Y., Zhang N., Sun S. and Sha Z.L. 2018. Mitochondrial phylogenomics reveals insights into taxonomy and evolution of Penaeoidea

(Crustacea: Decapoda). Zoologica Scripta, 47(5): 1–13. doi: 10.1111/zsc.12298

Chial H. and Craig J. 2008. mtDNA and Mitochondrial Diseases. Nature Education, 1(1): 217.

Coltman D.W. 2008. Molecular ecological approaches to studying the evolutionary impact of selective harvesting in wildlife. Molecular Ecology, 17(1): 221–235. doi: 10.1111/j.1365-294X.2007.03414.x

Grabowski M. 1999. Structure and intraspecific variability of the control region mtDNA in the pink shrimp, *Farfantepenaeus duorarum* (Decapoda, Penaeidae). Crustaceans and the Biodiversity Crisis, 12(5): 333–344. doi: 10.1163/9789004630543_027

Guo Y., Liu H., Feng J., Li J., Ye Y., Guo B. and Qu C. 2021. Characterization of the complete mitochondrial genomes of two species of Penaeidae (Decapoda: Dendrobranchiata) and the phylogenetic implications for Penaeoidea. Genomics, 113(1): 1054–1063. doi: 10.1016/j.ygeno.2020.11.001

Hurzaid A., Chan T.Y., Nor S.A.M., Muchlisin Z.A. and Chen W.J. 2020. Molecular phylogeny and diversity of penaeid shrimps (Crustacea: Decapoda) from south-east Asian waters. Zoologica Scripta, 49(5): 1–18. doi: 10.1111/zsc.12428

Iranian Fisheries Organization. 2019. Statistical Yearbook of Iranian Fisheries Organization (In Persian). Deputy Planning and Resource Management, Iranian Fisheries Organization, Iran. 33P.

Katneni V.K., Shekhar M.S., Jangam A.K., Paran B.C., Selvaraj A., Krishnan K. and Koyadan V.K. 2021. Phylogenetic relations and mitogenome-wide similarity metrics reveal mono-phyly of *Penaeus sensu lato*. Ecology and Evolution, 11(5): 2040–2049. doi: 10.1002/ece3.7148

Kitaura J., Wada K. and Nishida M. 1998. Molecular phylogeny and evolution of unique mud-using territorial behavior in ocypodid crabs (Crustacea: Brachyura: Ocypodidae). Molecular Biology and Evolution, 15(6): 626–637. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a025966

Lavery S., Chan T.Y., Tam Y.K. and Chu K.H. 2004. Phylogenetic relationships and evolutionary history of the shrimp genus *Penaeus* sp. derived from mitochondrial DNA. Molecular Phylogenetics and Evolution, 31(1): 39–49. doi: 10.1016/j.ympev.2003.07.015

Ma H., Ma C., Li C., Lu J., Zou X., Gong Y., Wang W., Chen W., Ma L. and Xia L. 2015. First mitochondrial genome for the red crab (*Charybdis feriata*) with implication of phylogenomics and

population genetics. Scientific Reports, 5(1): 1–14. doi: 10.1038/srep11524

Maggioni R., Rogers A.D., Maclean N. and D'Incao F. 2001. Molecular phylogeny of western Atlantic *Farfantepenaeus* and *Litopenaeus* shrimp based on mitochondrial 16S partial sequences. Molecular Phylogenetics and Evolution, 18(1): 66–73. doi: 10.1006/mpev.2000.0866

Nasvall S.J., Chen P. and Bjork G.R. 2007. The wobble hypothesis revisited: Uridine-5-oxyacetic acid is critical for reading of G-ending codons. RNA, 13(12): 2151–2164. doi: 10.1261/rna.731007

Niamaimandi N., Noorinejad M. and Matinfar A. 2009. Biology of Shrimp (In Persian). Publications of Institute of Applied Scientific Higher Education of Jahad Agriculture, Iran. 168P.

Palumbi S.R. and Benzie J. 1991. Large mitochondrial DNA differences between morphologically similar penaeid shrimp. Molecular Marine Biology and Biotechnology, 1(1): 27–34.

Quan J., Zhuang Z., Deng J., Dai J. and Zhang Y.P. 2004. Phylogenetic relationships of 12 Penaeoidea shrimp species deduced from mitochondrial DNA sequences. Biochemical Genetics, 42: 331–345. doi: 10.1023/B:BIGI.0000039808.12069.ed

Rabiei F., Abdoli R., Rafeie F. and Ghavi Hossein-Zadeh N. 2022. Genetic similarities and phylogenetic analysis of wild and domesticated species of sheep based on mitochondrial genome. Animal Production Research, 11(3): 1–13. doi: 10.22124/ar.2022.22429.1709

Rajakumarana P., Vaseeharana B., Jayakumarb R. and Chidambara R. 2014. Conformation of phylogenetic relationship of Penaeidae shrimp based on morphometric and molecular investigations. Cytology and Genetics, 48: 357–363. doi: 10.3103/S0095452714060103

Robalino J., Wilkins B., Bracken-Grissom H.D., Chan T.Y. and O'Leary M.A. 2016. The origin of large-bodied shrimp that dominate modern global aquaculture. PLoS One, 11(7): 1–24. doi: 10.1371/journal.pone.0158840

Schubart C.D., Cuesta J.A., Diesel R. and Felder D.L. 2000. Molecular phylogeny, taxonomy, and evolution of nonmarine lineages within the American grapsoid crabs (Crustacea: Brachyura). Molecular Phylogenetics and Evolution, 15(2): 179–190. doi: 10.1006/mpev.1999.0754

Soares P.E.T., Dantas M.D.A., Silva-Portela R.D.C.B., Agnez-Lima L.F. and Lanza D.C.F. 2021. Characterization of *Penaeus vannamei* mitogenome focusing on

genetic diversity. PLoS One, 16(7): 1–15. doi: 10.1371/journal.pone.0255291

Stillman J.H. and Reeb C.A. 2001. Molecular phylogeny of eastern Pacific porcelain crabs, genera Petrolisthes and Pachycheles, based on the mtDNA 16S rDNA sequence: Phylogeographic and systematic implications. Molecular Phylogenetics and Evolution, 19(2): 236–245. doi: 10.1006/mpev.2001.0924

Tamura K., Stecher G. and Kumar S. 2021. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. Molecular Biology and Evolution, 38(7): 3022–3027. doi: 10.1093/molbev/msab120

Tazikeh E. 2010. Management of Shrimp Farming in Farms (In Persian). Nowruz Press, Iran. 182P.

Zhu P., Luo P., Wang P., Xu Y., Zhang H., Wu H. and Liu L. 2019. The complete mitochondrial genome of *Trachypenaeus curvirostris* (Stimpson, 1860). Mitochondrial DNA, 4(2): 2834–2835. doi: 10.1080/23802359.2019.1660279

Aquatic Physiology and Biotechnology
Vol. 11, No. 4, Winter 2024

Research Paper

Study of genetic similarities and phylogenetic relationships of 10 Penaeidae shrimp species based on the sequences of the mitochondrial genome

Reza Passandideh[1], Ramin Abdoli[2]*

DOI: 10.22124/japb.2023.24411.1494
Received: May 2023 Accepted: July 2023

Abstract

Penaeidae shrimp species are the most important farmed aquatic animals from the crustacean group which have gained an important economic position in the world's aquaculture industry. In this study, complete mitochondrial genome sequences along with nucleotide and amino acid sequences of 13 PCGs per each genome from 10 important Penaeidae shrimp species were obtained from NCBI database and compared. According to the complete mitochondrial genome, the highest (88.5%) and lowest (76.4%) genetic similarity was found between *Fenneropenaeus indicus* and *Fenneropenaeus merguiensis*, and *Metapenaeus ensis* and *Penaeus monodon*, respectively. In phylogenetic analysis of the complete mitochondrial genome, two main clusters were established at the beginning of the phylogenetic tree. *Metapenaeus ensis* and *Metapenaeus affinis* were placed in one main cluster and other species in another main cluster. The results of the phylogenetic analysis of the nucleotide and amino acid sequences of the 13 PCGs showed that *M. ensis* and *M. affinis*, *Litopenaeus stylirostris* and *Litopenaeus vannamei*, and *F. merguiensis* and *F. indicus* species were grouped in different clusters, which confirms the results obtained from the comparison of the complete mitochondrial genome. Based on the results, mitochondrial genome sequences could be used for a wide range of detailed phylogenetic and genetic analyzes of different shrimp species.

Key words: *Penaeidae*, *Phylogeny Tree*, *Protein-coding Genes*, *Mitochondrial Genome*.

1- Assistant Professor in Department of Aquatic Health and Diseases, Iranian Shrimp Research Center, Iranian Fisheries Science Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Bushehr, Iran.
2- Assistant Professor in Iran Silk Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Guilan, Iran.

*Corresponding Author: ramin.abdoli.ramin.abdoli@gmail.com