

عنوان مقاله:

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

محل انتشار:

فصلنامه فیزیولوژی و بیوتکنولوژی آبزیان، دوره 11، شماره 4 (سال: 1403)

تعداد صفحات اصل مقاله: 34

نویسندگان:

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

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

خلاصه مقاله:

میگوهای خانواده Penaeidae مهم ترین آبزیان پرورشی از گروه سخت پوستان هستند که جایگاه اقتصادی مهمی در صنعت آبی پروری جهان کسب کردهاند. در این مطالعه، توالی های کامل ژنوم میتوکندریایی ۱۰ گونه مهم میگوی خانواده Penaeidae همراه با توالی های 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 (۵/۸۸ درصد) بین گونه میگوی سفید هندی و گونه میگوی موزی و کمترین شباهت (۴/۷۶ 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. گونه های میگوی پشت چرب و سفید سرتیز در یک خوشه اصلی و گونه های دیگر در خوشه اصلی دیگر قرار گرفتند. نتایج تبارشناختی توالیهای نوکلئوتیدی و آمینواسیدی ۱۳ ژن نشان داد که گونه های میگوی پشت چرب با سفید سرتیز، میگوی آبی با سفید غربی و میگوی موزی با سفید هندی در زیرخوشه های متمایز قرار گرفتند که تاییدی بر نتایج به دست آمده از مقایسه ژنوم کامل میتوکندریایی است. بر اساس نتایج، توالی های ژنوم میتوکندریایی می توانند برای طیف گستردهای از تجزیه و تحلیل های دقیق تبارشناختی و ژنتیکی گونه های متفاوت میگو مورد استفاده قرار گیرند.

کلمات کلیدی:

پنائیده، درخت تبارشناختی، ژنهای رمزگر پروتئینها، ژنوم میتوکندریایی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1956387>

