



مجله علمی کاربردی، دانش و فناوری

بهره‌برداری و پرورش آبزیان

جلد هشتم، شماره دوم، تابستان ۱۳۹۸

۱۷-۲۹

<http://japu.gau.ac.ir>

DOI: 10.22069/japu.2018.15424.1453

## ایجاد جمعیت پایه برنامه اصلاح نژاد در ماهیان

\*سید حسین مرادیان<sup>۱</sup> و رقیه محمودی<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup>دکتری تخصصی، مرکز تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد ماهیان سردآبی شهید مطهری، مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، یاسوج، ایران، <sup>۲</sup>استادیار پژوهشی، مرکز تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد ماهیان سردآبی شهید مطهری، مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، یاسوج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۰۵/۰۳، تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۰۷/۲۹

### چکیده

برنامه‌های اصلاح نژاد مبتنی بر انتخاب پتانسیل عظیمی در افزایش سودآوری آبی‌پروری دارند. ایجاد یک جمعیت پایه با تنوع ژنتیکی بالا، اولین، مهم‌ترین و حیاتی‌ترین مرحله در شروع یک برنامه اصلاح نژاد است. استفاده از یک جمعیت اولیه با تنوع ژنتیکی خیلی بالا، اجتناب از بروز همخونی سریع را تضمین می‌کند و احتمال پاسخ ژنتیکی بلندمدت را به بیش‌ترین مقدار می‌رساند. مقایسه عملکرد جمعیت‌های موجود می‌تواند به‌عنوان اولین مرحله در تشکیل یک جمعیت پایه مصنوعی مطرح باشد. جمعیت پایه باید تلفیقی از ویژگی‌های زیرجمعیت‌ها را داشته باشد و نسل پایه باید از میان بهترین افراد جمعیت‌های مختلف انتخاب شوند. در گذشته جمعیت‌های پایه از طریق جمع‌آوری تعداد یکسان ماهیان، از هر کدام از نژادهای وحشی ایجاد می‌شد. با این وجود، امروزه در مورد برخی گونه‌ها، نژادهای بهبود یافته در دسترس است و در نتیجه می‌توان از میانگین داده‌های فنوتیپی صفات مهم اقتصادی به‌عنوان معیاری جهت بهینه‌سازی نمونه‌برداری در زمان تشکیل جمعیت پایه استفاده نمود. علاوه بر این، دسترسی به اطلاعات ژنتیکی ژنوم گونه‌های مختلف ماهیان می‌تواند در بهبود ارزیابی روابط درون و بین نژادهای موردنظر و در نتیجه درصد افرادی که از هر نژاد باید انتخاب شوند کمک کند. در مجموع می‌توان در راستای افزایش واریانس صفات مرتبط با بیماری و کیفیت گوشت از استراتژی‌های وابسته به نشانگرهای مولکولی استفاده نمود، در حالی‌که برای صفاتی همانند رشد می‌توان از اطلاعات فنوتیپی بهره گرفت.

واژه‌های کلیدی: آبی‌پروری، انتخاب، بهگزینی، تنوع ژنتیکی، همخونی

\*مسئول مکاتبه: [moradian.s.h@gmail.com](mailto:moradian.s.h@gmail.com)

## مقدمه

گونه‌های دارای هماوری بالا وجود دارد. از آن‌جا که در سرفصل و رئوس درس‌های آموزشی رشته شیلات (زیست‌شناسی ماهی)، توجه کمی به مباحث ژنتیک کمی و برنامه‌های اصلاح نژاد شده است، از جمله دلایل دیگری است که پژوهشگران، مروجین و پرورش‌دهندگان ماهی به خوبی مفاهیم و تئوری‌های اصلاح نژادی را فرا نگرفته‌اند. علاوه بر این بخش اعظم مقالات چاپ شده با موضوع ژنتیک آبزیان به مباحث تنوع ژنتیکی صفات کمی و ژنتیک جمعیت پرداخته‌اند (یدرم، ۲۰۰۵).

از آن‌جا که علاقه کمی به توسعه برنامه‌های اصلاح نژاد آبزیان وجود دارد، اطلاعات در مورد پارامترهای فنوتیپی و ژنتیکی صفات مهم اقتصادی در اغلب گونه‌های پرورشی محدود است. قبل از شروع یک برنامه اصلاح نژاد، تمامی مراحل و جوانب اجرای کار باید بررسی و ارزیابی شوند. هدف یا اهداف اصلاح نژاد و نحوه تشکیل جمعیت پایه باید مشخص شود. آگاهی از ارزیابی واریانس ژنتیکی، وراثت‌پذیری، همبستگی‌های فنوتیپی و ژنتیکی میان صفات نیز لازم است (یدرم، ۲۰۰۵).

یکی از مسائل مهم در شروع برنامه اصلاح نژاد، استفاده از یک جمعیت پایه ژنتیکی گسترده است. ایجاد یک جمعیت پایه با تنوع ژنتیکی بالا، اولین، مهم‌ترین و حیاتی‌ترین مرحله در شروع یک برنامه اصلاح نژاد است. چون به نوعی تمامی تنوع ژنتیکی صفت مورد نظر در برنامه اصلاح نژاد و همچنین صفاتی که قرار است در آینده در برنامه گنجانده شود در جمعیت اولیه دیده می‌شود، بنابراین استفاده از یک جمعیت اولیه با تنوع ژنتیکی خیلی بالا، اجتناب از بروز همخونی سریع را تضمین می‌کند و احتمال پاسخ ژنتیکی بلندمدت را به بیش‌ترین مقدار می‌رساند

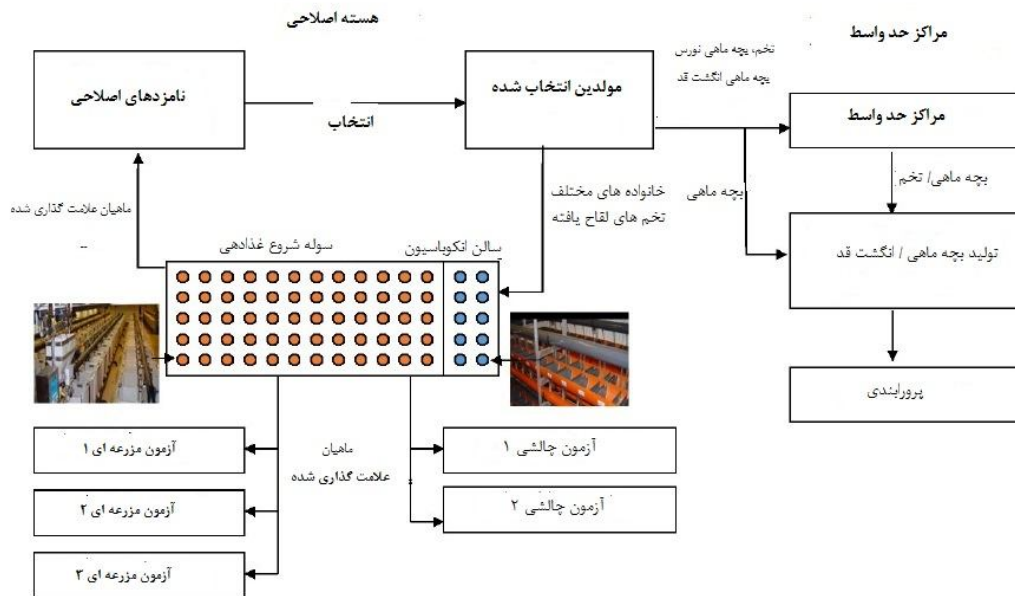
استفاده از برنامه‌های اصلاح نژاد در ماهیان به‌خوبی رایج نشده است و هنوز هم تولید بسیاری از گونه‌ها بر اساس صید مولدین و یا بچه‌ماهیان وحشی استوار است. بر اساس مطالعات انجام شده در سال ۲۰۰۹، تعداد ۱۰۱ برنامه پرورش و اصلاح نژادی آبزیان وجود دارد. این برنامه‌های پرورشی، با توجه به هدف پرورش، گونه‌های پرورشی و صفات مورد نظر برای بهبود، دارای شیوه‌ها و طرح‌های گوناگونند. اکثر برنامه‌های پرورشی برای گونه‌های ماهی در خانواده آزادماهیان، به‌خصوص برای ماهی آزاد اطلس و همچنین ماهی تیلایپای نیل است. تعداد بسیار کم‌تری فعالیت اصلاحی نیز برای گونه‌های میگو و برخی نرم‌تنان وجود دارد. متأسفانه امروزه تولیدات آبزیان اصلاح نژاد شده تنها ۱۲٪ از کل تولید جهانی آبزیان را تشکیل می‌دهد.

دلیل واضحی برای عدم وجود برنامه‌های اصلاح نژاد مؤثر در آبی‌پروری وجود ندارد. به‌نظر می‌رسد صفات مهم اقتصادی در آبزیان کمی متفاوت از حیوانات و گیاهان است. معمولاً پاسخ به انتخاب در آبزیان نسبت به حیوانات پرورشی بیش‌تر است (اولسن و همکاران، ۲۰۰۳). از دلایل کم بودن برنامه‌های اصلاح نژاد در آبی‌پروری پیچیده بودن چرخه تولیدمثلی در اغلب گونه‌هاست به‌طوری‌که در شرایط اسارت چرخه تولیدمثلی کامل نشده و یا غیرقابل کنترل است. این مورد به‌ویژه در ماهیان دریایی دیده می‌شود. یکی دیگر از دلایل کم بودن برنامه‌های اصلاح نژاد را می‌توان تخریب راحت ذخایر مولدین دانست که ناشی از وقوع سریع همخونی در ذخایر، در نتیجه استفاده از تعداد محدود مولدین در هر نسل است. این مشکل در تمامی



فعالیت‌های مختلف و راه‌اندازی هسته اصلاح نژادی را می‌توان با تشکیل خانواده‌ها بعد از انتخاب مولدین شروع نمود. سپس مولدین انتخاب شده با هم آمیزش داده می‌شوند و تخم‌های چشم زده خانواده‌های مختلف به سالن انکوباسیون انتقال داده می‌شوند که هر خانواده خویشاوند تنی به صورت جداگانه در تراف‌ها نگهداری می‌شوند. بعد از تفریخ تخم‌ها و شروع غذاگیری افراد تراف‌های مختلف در تانک‌های جداگانه‌ای و در یک سالن دیگر قرار داده شده و تا زمانی که به اندازه مناسب برای علامت‌گذاری با پیت تگ برسند (به‌طور متوسط ۱۰ تا ۱۵ گرم) در این تانک‌ها نگهداری می‌شوند. با توجه به هدف و صفات مورد نظر از جمله آزمایش‌های چالش بیماری در سالن مخصوص چالش عامل بیماری‌زا، آزمایش بررسی نرخ رشد در مزارع

خصوصی، بلوغ جنسی، بازماندگی در شرایط مزرعه و کیفیت لاشه، علامت‌گذاری برای تعداد مشخصی از افراد هر خانواده صورت می‌گیرد. علاوه بر گزینه‌های آزمایش ذکر شده، تعداد مشخصی از افراد هر خانواده نیز به‌عنوان کاندیداهای اصلاحی علامت‌گذاری می‌شوند. کاندیداهای اصلاحی بر اساس اطلاعات حاصل از ماهیان آزمایشی و همچنین اولین بلوغ جنسی آنها، به‌عنوان والدین نسل بعدی انتخاب می‌شوند. در ادامه بر اساس تمام این داده‌ها، خانواده‌ها رتبه‌بندی می‌شوند تا کاندیداهای اصلی اصلاح نژاد تعیین شوند. با این کار حلقه اصلاح نژاد بسته می‌شود و تولید گروه جدید از خانواده‌ها آغاز می‌شود. شکل ۲ روند اجزای مختلف ماهی در بخش‌های مختلف هسته اصلاح نژادی و همچنین از هسته به مراکز حد واسط را نشان می‌دهد.



شکل ۲- شکل شماتیک بخش‌های مختلف هسته اصلاح نژادی و مراکز حد واسط در برنامه اصلاح نژاد ماهی.

امروزه استفاده از مطالعات شبیه‌سازی‌های کامپیوتری در اصلاح نژاد دام به خوبی توسعه یافته است، ولی در ماهیان و سایر آبزیان مطالعات انگشت‌شماری وجود دارد. هولتس مارک و همکاران، (۲۰۰۶، ۲۰۰۸ الف، ب) اثرات افزایش تعداد زیرجمعیت‌های تشکیل‌دهنده جمعیت پایه (یک تا هشت زیرجمعیت) را بر واریانس ژنتیکی، پیشرفت ژنتیکی و میزان مشارکت زیرجمعیت‌های مختلف در نسل‌های بعدی در جمعیت پایه‌ای شبیه‌سازی و بررسی نمودند. تفاوت اصلی مطالعه اولی هولتس مارک و همکاران (۲۰۰۶) با مطالعه دوم آن‌ها (۲۰۰۸ الف) آن است که در مطالعه اولی تمامی ماهیان وحشی غیرخویشاوند و ناهمخون فرض شدند، در حالی‌که در مطالعه دوم فرض شد ماهیان وحشی مقداری همخونی و خویشاوندی دارند. این دیدگاه، مدل خیلی بهتری از جمعیت ماهیان وحشی ارائه می‌دهد. در مطالعه هولتس مارک و همکاران (۲۰۰۶)، واریانس ژنتیکی ناشی از افزایش تعداد زیرجمعیت‌ها، به دلیل نصف شدن ارزش‌های اصلاحی والدین در اولین دور آمیزش میان زیرجمعیت‌ها از دست رفت و متعاقباً تنها منجر به بهبود پیشرفت ژنتیکی از اولین دور انتخاب شد. با این وجود در مطالعه دوم آن‌ها (۲۰۰۸ الف) به دلیل کاهش ضریب همخونی ناشی از تلاقی ماهیان، افزایش تعداد زیرجمعیت‌ها منجر به بهبود ماندگار واریانس و پیشرفت ژنتیکی به‌زای نسل شد. با این وجود،

در مطالعه سوم هولتس مارک و همکاران (۲۰۰۸ ب)، اثر متقابل تعداد زیرجمعیت و ضریب همخونی جمعیت پایه را بر پیشرفت ژنتیکی نسل‌های بعدی بررسی نمودند. در نسل اول، تمامی زیرجمعیت‌ها به‌صورت یکسان سهم دارند اما در نسل دوم و سوم، زیرجمعیت‌هایی با ارزش اصلاحی (عملکرد) بهتر سهم مشارکت بیشتری در ایجاد جمعیت پایه داشتند.

**تعریف جمعیت پایه:** معمولاً به جمعیت اولیه‌ای که در برنامه اصلاح نژاد استفاده می‌شود جمعیت پایه گفته می‌شود. همانند جمعیت پایه، اولین نسل نیز اغلب نسل پایه نامیده می‌شود. معمولاً فرض بر این است که افراد نسل پایه با هم خویشاوند و همخون نیستند<sup>۱</sup> و افراد از این نسل حاصل می‌شوند. علاوه بر این چنین فرض می‌شود که تمامی آل‌هایی که توسط افراد نسل پایه منتقل می‌شوند واضح و مشخص<sup>۲</sup> هستند (سونیسون و همکاران، ۲۰۰۵).

برای اهداف اصلاح نژادی می‌توان جمعیت پایه را از جمعیت‌های ماهیان وحشی ایجاد نمود و نسل پایه می‌تواند اولین نسل با شجره ثبت شده باشد. با این وجود احتمالاً در هر دو مورد، خویشاوند نبودن تمامی افراد صحیح نیست (یعنی  $F = 0$ ) و حتی سایر ضرایب خویشاوندی<sup>۳</sup> میان افراد نیز احتمالاً صحیح نیست. در نتیجه انتخاب نسل پایه کاملاً اختیاری است ولی یک نقطه مرجع و یا شروع ضروری می‌باشد. این مسأله بیانگر آن است که اندازه‌گیری روابط قطعی<sup>۴</sup> و در نتیجه همخونی در درون یک جمعیت وقتی مفهوم دارد که جمعیت پایه مشخص شده باشد (سونیسون و همکاران، ۲۰۰۵).

#### عوامل مؤثر بر ایجاد جمعیت پایه در ماهیان

**تعداد زیرجمعیت‌ها (نژادهای) تشکیل‌دهنده:** در برنامه‌های مختلف اصلاح نژاد اجرا شده و یا در حال اجرا روند خاصی در مورد تعداد زیرجمعیت‌های تشکیل‌دهنده جمعیت پایه وجود ندارد. با این وجود، به‌جزء در یک مورد (دانگ و همکاران، ۲۰۱۵) سایر برنامه‌ها از بیش از چهار زیرجمعیت و یا نژاد استفاده نموده‌اند (جدول ۲).

- 1- Non-inbred
- 2- Distinct
- 3- Coefficient of kinship
- 4- Absolute measures of relationship

بر مبنای مشارکت بهینه در نرخ ثابت تغییرات همخونی ( $\Delta F$ )، انحراف از نمونه‌برداری مندلی است، در نتیجه آمیزش WITHIN، میزان پیشرفت ژنتیکی جمع شده در  $G_2$  (که در  $G_3$  مشاهده می‌شود) را تحت‌تأثیر قرار می‌دهد (Avendaño et al., 2004). بنابراین در نتاج نسل سوم ( $G_3$ ) پیشرفت ژنتیکی کم‌تری مشاهده می‌شود، که ناشی از سیستم‌های مختلف آمیزشی در جمعیت پایه ( $G_0$ ) می‌باشد و تأثیر الگوی آمیزشی همراه با افزایش ضریب همخونی جمعیت ماهیان وحشی ابتدایی و تعداد زیرجمعیت‌ها بیش‌تر می‌شود.

در مجموع با توجه به دلایل کاربردی می‌توان اولین آمیزش بعد از جمع‌آوری مولدین از منابع مختلف را به‌صورت تصادفی درون‌نژادی اجرا کرد. با این وجود، در نسل بعدی به‌منظور تشکیل جمعیت پایه باید آمیزش‌های کامل میان تمامی نژادها صورت گیرد. با این کار هم‌زمان احتمال بروز همخونی کاهش پیدا خواهد کرد (هولتس مارک و همکاران، ۲۰۰۸ الف و ب).

**وراثت‌پذیری صفات:** در مطالعه هولتس مارک و همکاران (۲۰۰۸ الف) دستورالعمل‌های ایجاد جمعیت‌های پایه ماهیان بر اساس صفتی با وراثت‌پذیری ( $h^2_{tot}$ ) ۰/۱۰ تا ۰/۳۰ را بررسی نمود. در این مطالعه تأثیر مثبت وراثت‌پذیری بر تنوع ژنتیکی، پیشرفت ژنتیکی و پیشرفت ژنتیکی تجمعی مشاهده شد. این تأثیر با افزایش تعداد زیرجمعیت‌ها از یک به چهار زیرجمعیت در مقایسه با افزایش بیش‌تر تعداد زیرجمعیت‌ها از چهار به هشت زیر جمعیت بیش‌تر بود. همچنین به‌ازای وراثت‌پذیری معین، همراه با افزایش میزان همخونی جمعیت پایه، اثر افزایش تعداد زیرجمعیت‌ها بر متوسط واریانس ژنتیکی و میزان بهبود پیشرفت ژنتیکی به‌ازای نسل افزایش می‌یابد. علاوه بر این، در نسل دوم با افزایش وراثت‌پذیری از

همچنین با افزایش ضریب همخونی مفروض، سهم مشارکت بهینه تعداد افراد انتخاب شده از هر زیرجمعیت محدود می‌شود و بالعکس مقادیر کوچک ضریب هم‌خونی مفروض سبب شدیدتر شدن میزان مشارکت بهینه زیرجمعیت‌ها در نسل‌های بالاتر خواهد شد. در مجموع در تمامی این مطالعات بخش اعظم پتانسیل بهبود پیشرفت ژنتیکی با نمونه‌برداری از چهار زیرجمعیت به‌دست آمد.

**استراتژی آمیزشی جمعیت پایه:** هولتس مارک و همکاران (۲۰۰۶)، اثرات دو شیوه آمیزشی درون‌نژادی (WITHIN) و آمیزش تصادفی درون و میان‌نژادی (RANDOM) ماهیان در جمعیت پایه (نسل  $G_0$ ) را با هم مقایسه نمودند که آمیزش WITHIN به‌دلیل واریانس ژنتیکی بیش‌تر در  $G_1$ ، منجر به کسب پیشرفت ژنتیکی نسبتاً بیش‌تری از اولین دور انتخاب شد. با این وجود، در مطالعه بعدی هولتس مارک و همکاران (۲۰۰۸ الف) سه شیوه آمیزشی شامل آمیزش درون‌نژادی (WITHIN)، آمیزش تصادفی درون و بین زیرجمعیت‌ها (RANDOM)<sup>۱</sup> و آمیزش دوطرفه سازمان‌یافته (DCROSS)<sup>۲</sup> را در ایجاد جمعیت پایه بررسی نمودند. در این مطالعه برعکس آمیزش WITHIN در مقایسه با آمیزش‌های RANDOM و آمیزش دوطرفه سازمان‌یافته (DCROSS)، منجر به کاهش پیشرفت ژنتیکی از دومین دور انتخاب شد، در حالی‌که دو استراتژی دیگر تفاوتی با هم نداشتند، ولی تأثیر این دو استراتژی بر پیشرفت ژنتیکی تجمع‌یافته در بلندمدت ناچیز بود. دلیل این تناقض این است که واریانس نمونه‌گیری مندلی کم‌تر ناشی از آمیزش WITHIN، تفاوتی در میانگین پیشرفت ژنتیکی به‌دست آمده در نسل دوم ( $G_2$ ) ایجاد نمی‌کند. با این وجود، چون مهم‌ترین مزیت و برتری روش انتخاب

- 1- Random mating, within and across subpopulations (RANDOM)
- 2- Structured diallel-cross (DCROSS)

ژنتیکی خشتی<sup>۱</sup> اندازه‌گیری شده است)، ممکن است با واریانس ژنتیکی برخی صفات همبستگی داشته باشند ولی با برخی صفات همبستگی ندارند. همچنین نتایج بررسی آن‌ها نشان داد که می‌توان ابتدا با ارزیابی روابط میان افراد به کمک نشانگرها و سپس کاهش میانگین روابط درون افراد انتخاب شده، با اعمال یک استراتژی در راستای به حداکثر رساندن تنوع ژنتیکی کل میان جمعیت‌های انتخاب شده، واریانس ژنتیکی برخی صفات را به حداکثر رساند. وقتی که یک استراتژی برای ایجاد جمعیت پایه با حداکثر واریانس ژنتیکی، انتخاب می‌شود، روش اندازه‌گیری و سنجش صفات نیز باید با اهمیت ویژه‌ای مورد توجه قرار داد. سنجش رشد نسبتاً آسان است چون می‌توان آن را با وزن و طول اندازه‌گیری نمود. معمولاً صفات مرتبط با بیماری از طریق بازماندگی بعد از مواجهه بیماری اندازه‌گیری می‌شود که در مورد حیوانات وحشی خیلی دشوارتر است. همچنین اندازه‌گیری صفات کیفیت گوشت بر روی حیوانات وحشی مشکل است. بنابراین، می‌توان در راستای افزایش واریانس صفات مرتبط با بیماری و کیفیت گوشت از استراتژی‌های وابسته به نشانگرهای مولکولی استفاده نمود، در حالی که برای صفاتی همانند رشد می‌توان از اطلاعات فنوتیپی بهره گرفت. علاوه بر این برخی صفات که در حال حاضر جزء اهداف برنامه اصلاح نژاد نیستند، ممکن است در آینده اهمیت پیدا کنند. آن‌ها پیشنهاد دادند که به‌عنوان مثال، از اطلاعات فنوتیپی موجود برای رشد، همراه با تخمین‌های مبتنی بر نشانگر، ترکیب هر دو روش، به‌عنوان یک شاخص استفاده شود تا تضمین‌کننده ایجاد بیش‌ترین واریانس ژنتیکی ممکنه (برای تعداد زیادی از صفات) در جمعیت پایه شود.

۰/۱۰ به ۰/۳۰، به‌طور متوسط تعداد والدین مشارکت‌کننده در نسل  $G_2$ ، افزایش داشت، اما در نسل‌های بعدی تعداد والدین انتخاب شده در هر نسل تحت تأثیر وراثت‌پذیری قرار نگرفتند.

**نشانگرهای مولکولی:** همان‌گونه که بیان شد اولین مرحله در شروع یک برنامه اصلاح نژاد جمع‌آوری جمعیت پایه است. به‌منظور تضمین حداکثر پاسخ ژنتیکی بلندمدت برنامه اصلاح نژاد، این جمعیت پایه باید تنوع ژنتیکی کافی داشته باشد. به‌نظر می‌رسد لازم است یک استراتژی وجود داشته باشد تا تمامی صفات گنجانده شده در اهداف برنامه اصلاح نژاد را بر روی ماهیان وحشی اندازه‌گیری کند و در نتیجه جمعیت پایه‌ای انتخاب شود که واریانس صفات را به حداکثر برساند. در ایجاد جمعیت پایه برنامه اصلاح نژاد ماهی آزاد اطلس از نمونه‌برداری جغرافیایی استفاده شده است (یدرم و همکاران، ۱۹۹۱). با این وجود این استراتژی افزایش سهم مشارکت تنوع ژنتیکی اولیه در جمعیت پایه برنامه اصلاح نژاد را تضمین نمی‌کند. یدرم و همکاران (۱۹۹۱) با بررسی چندین صفت، گزارش دادند که حداکثر ۷/۴٪ تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت ماهی آزاد، مربوط به تنوع بین رودخانه‌ها بود و بقیه مربوط به تنوع ژنتیکی درون رودخانه‌ای بود. یک استراتژی جایگزین یا مکمل می‌تواند استفاده از نشانگرهای مولکولی باشد. نشانگرهای مولکولی یا دی‌ان‌ای به‌طور گسترده‌ای در اندازه‌گیری تنوع ژنتیکی میان جمعیت‌ها استفاده می‌شوند (هایس و همکاران، ۲۰۰۶).

هایس و همکاران (۲۰۰۶) با بررسی استفاده از نشانگرهای مولکولی جهت افزایش تنوع ژنتیکی جمعیت‌های پایه در برنامه‌های اصلاح نژاد آبزیان گزارش دادند که تنوع ژنتیکی (که توسط نشانگرهای

پیشرفت واضحی را ایجاد نمی‌کند، توصیه شود در آبی‌پروری، حدود ۱۰۰۰ SNP می‌تواند جهت ایجاد جمعیت پایه‌ای با کارایی مناسب استفاده شود، اگرچه ویژگی‌های اختصاصی گونه‌های تحت مدیریت و معماری ژنتیکی نژادهای موجود نیز دخیل خواهند بود.

**روش‌های ایجاد جمعیت پایه در ماهیان:** در انتخاب یک جمعیت پایه مناسب چندین روش مختلف وجود دارد که به صورت جدول ۱ عمل می‌شوند (یدرم و بارانسکی، ۲۰۰۹):

باید تاکید شود تعیین ژنوتیپ با استفاده از تعداد محدودی نشانگر ممکن است نتایج نامطلوبی در پی داشته باشد، چون تنوع در سطح آن نشانگرها ارتباط ضعیفی با تنوع در سطح جایگاه‌های ژنی غیرنشانگر و تنوع در سطح جایگاه‌های ژنی کنترل‌کننده صفت خواهند داشت. بنابراین افرادی با عملکرد فنوتیپی بالا ممکن است در واقعیت تنوع کلی کمی داشته باشند ولی هم‌چنان به‌طور تصادفی سطوح بالایی از تنوع نشانگرها را نمایش دهند. با این حال، بر اساس نتایج شبیه‌سازی انجام شده (فرناندز و همکاران، ۲۰۱۴)، از آن‌جا که افزایش بیش‌تر تعداد نشانگرها

جدول ۱- راهنمای روش‌های مختلف ایجاد جمعیت پایه.

روش ایجاد جمعیت پایه	وضعیت جمعیت اولیه
روش اول	در صورتی که تنها ماهیان وحشی در دسترس باشند
روش دوم	در صورت وجود مولدین پرورشی فاقد اطلاعات شجره‌ای
روش سوم	در صورتی که مولدین دارای اطلاعات شجره‌ای مشخص در دسترس باشند

وجود دارد. دو مدل مستند در اصلاح نژاد ماهیان، برنامه اصلاح نژاد ماهی آزاد اطلس در نورژ (یدرم و همکاران، ۱۹۹۱) و برنامه بهبود ژنتیکی تیلایپای پرورشی (GIFT) هستند (اکناث و همکاران، ۱۹۹۳). مثال‌های از ایجاد جمعیت پایه در سایر گونه‌های ماهیان در جدول ۲ شامل گونه ماهی، تعداد نژادهای تشکیل‌دهنده جمعیت پایه، کشور محل اجرا و معیارهای انتخاب این نژادها ارائه شده است.

در مورد تعداد مولد مورد نیاز جهت ایجاد جمعیت پایه رقم و تعداد دقیق ذکر نشده است. ولی شواهد نشان می‌دهند حداقل ۱۰۰ جفت ماهی باید در نظر گرفت. قطعاً در صورت امکان تعداد بیش‌تر کارایی بهتری در پی خواهند داشت. اگرچه می‌توان این اصول اساسی را در آغاز یک برنامه اصلاح نژاد به‌کار گرفت ولی شکل واقعی تشکیل یک جمعیت پایه در برنامه‌های اصلاح نژادی کنونی کمابیش متفاوت است. چندین روش برای ایجاد جمعیت پایه



داده شدند. شدت انتخاب برای صفت نرخ رشد از همان نسل اول انتخاب، بالا بود (یدرم و بارانسکی، ۲۰۰۹).

**ایجاد جمعیت پایه در برنامه اصلاح نژاد ماهی تیلایپای نیل:** یکی دیگر از روش‌ها آن است که قبل از انتخاب ماهیان نژادهای مختلف با هم آمیزش داده شوند و طی نسل اول انتخاب شدت انتخاب کم اعمال شود. این استراتژی در ایجاد جمعیت پایه در برنامه اصلاح نژاد تیلایپای نیل در فیلیپین به کار گرفته شد (بتسن و همکاران، ۱۹۹۷). این ملاحظات می‌تواند تضمین‌کننده حفظ تنوع ژنتیکی گسترده (تنوع آلی) باشد که امکان پاسخ به انتخاب در بلندمدت و همچنین گنجاندن صفات جدید به‌عنوان اهداف اصلاح نژادی را فراهم می‌سازد. در برنامه اصلاح نژاد ماهی تیلایپای پرورشی نیل در فیلیپین (GIFT) شرایط کاملاً متفاوت بود. جمعیت پایه از هشت نژاد غیرمرتبط شامل چهار نژاد وحشی از آفریقا و چهار نژاد پرورشی از فیلیپین تشکیل شد (اکناث و همکاران، ۱۹۹۳). اولین آمیزش درون‌نژادها صورت گرفت در حالی‌که در دومین آمیزش تمامی آمیزش‌های دوطرفه ۸×۸ اجرا شد (بتسن و همکاران، ۱۹۹۸) در نهایت، جمعیت پایه در نهایت از ۲۵ ترکیب نژادی تشکیل شد که این امکان را فراهم ساخت که با شدت انتخاب کم، تمامی نژادها در جمعیت پایه حفظ شوند.

**ایجاد جمعیت پایه در برنامه اصلاح نژاد ماهی آزاد اطلس:** در مورد برنامه اصلاح نژاد ماهی آزاد اطلس در نروژ، جمع‌آوری مولدین از سال ۱۹۷۱ شروع شد. منابع ژنتیکی از ۴۰ نژاد رودخانه‌ای تهیه شد (یدرم و همکاران، ۱۹۹۱) و هیچ محدودیتی در گنجاندن نژادها طی نسل‌های ابتدایی اعمال نشد. این مسأله منجر به نوعی انتخاب اولیه میان نژادها شد. در مجموع چهار جمعیت پایه ایجاد شد که نشان‌دهنده فاصله نسلی ۴ ساله در این گونه بود. هر کدام از این چهار جمعیت‌های پایه، متشکل از مولدین حاصل از هشت تا ۲۴ نژاد رودخانه‌ای بودند. هدف این بود که از هر نژاد چهار مولد نر و ۱۲ مولد ماده انتخاب شوند تا ۱۲ گروه خویشاوند تنی و ۴ گروه خویشاوند ناتنی ایجاد شود. با این وجود در مورد تمامی نژادهای رودخانه‌ای هدف‌های مورد نظر محقق نشد (یدرم و همکاران، ۱۹۹۱). جمعیت پایه از طریق آمیزش‌های تصادفی درون‌نژادی و بین‌نژادی ایجاد شد. انتخاب نتاج حاصل از جمعیت پایه برای صفت وزن بدن در زمان برداشت، از میان هر دو گروه خانواده‌های حاصل از آمیزش‌های درون‌خانوادگی و بین‌خانوادگی صورت گرفت. نسل F1 هر چهار جمعیت در سال‌های ۱۹۷۸-۱۹۷۵ ایجاد شدند و برای نسل‌های بعدی مولدین انتخاب شده با این شرط که افراد دارای خویشاوندی نزدیک (خویشاوندان تنی و ناتنی) نباید با هم آمیزش یابند، به‌صورت تصادفی آمیزش

جدول ۲- نمونه‌هایی از روش‌های ایجاد جمعیت پایه در برنامه اصلاح نژاد گونه‌های مختلف ماهیان.

گونه مورد نظر	محل اجرا	روش ایجاد جمعیت پایه	معیارهای انتخاب نژادها	منبع
کپور روهو	هند	شش نژاد رودخانه‌ای	تنوع - عملکرد فنوتیپی	ردی و همکاران، ۲۰۰۲
کپور روهو	هند	بچه‌ماهیان و ماهیان انگشت‌قد ماهی روهو از ۵ رودخانه مختلف هند	تنوع	دس‌ماهاپاترا و همکاران، ۲۰۰۷
کپور معمولی	چین	کپورهای معمولی نژاد جیان <sup>۱</sup> و هوانگه <sup>۲</sup>	-	دانگ و همکاران، ۲۰۱۵
کپور کاتلا	هند	نه نژاد از منابع و مکان‌های مختلف کشور هند که دو نژاد رودخانه‌ای بودند	تنوع	دس‌ماهاپاترا و همکاران، ۲۰۱۸
قزل‌آلای رنگین کمان	صربستان	چهار مزرعه شامل یک مزرعه دارای مولدین وارداتی	تنوع - عدم سابقه در واردات تخم یا ماهی از سایر کشورها	اسپاسیک و همکاران، ۲۰۱۵
قزل‌آلای رنگین کمان	فنلاند	چهار نژاد دارای سریع‌ترین رشد از بین ۱۰ نژاد بررسی شده انتخاب شدند	عملکرد رشد	کایوس و همکاران، ۲۰۰۵
قزل‌آلای رنگین کمان	چین	پنج نژاد مختلف شامل نژادهای بوهای <sup>۳</sup> ، دانمارکی، نروژی، دونالدسون و کالیفرنای آمریکا	تنوع - عملکرد فنوتیپی	هیو و همکاران، ۲۰۱۳
قزل‌آلای رنگین کمان	آمریکا	نژادهای بومی منابع وحشی و مراکز تکثیر مجاور	تنوع	دونالدسون و اولسون، ۱۹۵۷

در برنامه اصلاح نژاد کپور، جمع‌آوری چندین گروه از ماهیان مولد از نقاط مختلف کشور همراه با ماهیان وارداتی از کشور مجارستان در دستور کار قرار گرفت.

### نتیجه‌گیری

تنوع ژنتیکی را می‌توان با تشکیل یک جمعیت پایه مصنوعی تضمین کرد. مقایسه توان تولید یا عملکرد جمعیت‌های موجود می‌تواند به‌عنوان اولین مرحله در تشکیل یک جمعیت پایه مصنوعی مطرح باشد. جمعیت پایه باید تلفیقی از ویژگی‌های زیرجمعیت‌ها را داشته باشد و ذخایر پایه جمعیت مصنوعی باید از میان بهترین افراد جمعیت‌های مختلف انتخاب شوند. در گذشته جمعیت‌های پایه از طریق جمع‌آوری تعداد یکسان ماهیان، از هر کدام از نژادهای وحشی ایجاد می‌شد. با این وجود، امروزه در مورد برخی گونه‌ها، نژادهای بهبودیافته در دسترس

وضعیت برنامه‌های اصلاح نژاد در داخل کشور و چگونگی ایجاد جمعیت پایه در این برنامه‌ها: در ایران اگرچه پژوهشگران تاکنون پژوهش‌های بسیاری درباره ژنتیک ماهی‌های مختلف انجام داده‌اند، اما این اقدامات عمدتاً به بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های مختلف ماهیان وحشی و پرورشی پرداخته‌اند. طی سال‌های اخیر تلاش‌هایی در جهت تدوین و اجرای دو برنامه اصلاح نژاد ماهی قزل‌آلای رنگین کمان و ماهی کپور معمولی توسط مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور و سازمان شیلات ایران به‌ترتیب با کارشناسان نروژی فائو و کارشناسان مجارستانی در حال پیگیری می‌باشد. بر این اساس مقرر گردید جهت ایجاد جمعیت پایه قزل‌آلای رنگین کمان به جمع‌آوری تخم چشم زده از شش مزرعه تکثیر قزل‌آلا که توسط سازمان دامپزشکی عاری از بیماری تشخیص داده شده‌اند اقدام گردد. همچنین جهت ایجاد جمعیت پایه

۱) تشکیل جمعیت پایه با چهار زیر جمعیت، تضمین‌کننده حصول بخش اعظم پتانسیل پیشرفت ژنتیکی در برنامه اصلاح نژاد است.

۲) شناسایی جمعیت‌های موجود گونه مورد نظر در سطح کشور و در صورت امکان نژادهای زایا و بهبودیافته وارداتی

۳) مقایسه عملکرد فنوتیپی صفات مورد نظر در جمعیت‌های موجود. در این خصوص جمعیت پایه باید تلفیقی از ویژگی‌های زیرجمعیت‌ها را داشته باشد و نسل پایه باید از میان بهترین افراد جمعیت‌های مختلف انتخاب شوند.

۴) مطالعات ژنتیکی نژادها و جمعیت‌های موجود، در این مورد استفاده درست از نشانگرهای مولکولی از اهمیت بالایی برخوردار است. توصیه می‌شود جهت ایجاد جمعیت پایه‌ای با کارایی مناسب در آبری‌پروری، حدود ۱۰۰۰ SNP استفاده شود،

۵) تنوع ژنتیکی که توسط نشانگرهای ژنتیکی خشی<sup>۱</sup> اندازه‌گیری شده است، ممکن است با واریانس ژنتیکی برخی صفات همبستگی داشته و با صفات دیگر بدون همبستگی باشند. در مجموع می‌توان در راستای افزایش واریانس صفات مرتبط با بیماری و کیفیت گوشت از استراتژی‌های وابسته به نشانگرهای مولکولی استفاده نمود، در حالی‌که برای صفاتی همانند رشد می‌توان از اطلاعات فنوتیپی بهره گرفت.

۶) در نهایت در زمان ایجاد جمعیت پایه می‌توان در صورت دسترسی به اطلاعات ژنتیکی (تنوع) و فنوتیپی (عملکرد)، به‌طور مساوی از هر دو گروه اطلاعات استفاده نمود.

است و در نتیجه می‌توان از میانگین داده‌های فنوتیپی صفات مهم اقتصادی به‌عنوان معیاری جهت بهینه‌سازی نمونه‌برداری در زمان تشکیل جمعیت پایه استفاده نمود. علاوه بر این، دسترسی به اطلاعات ژنتیکی ژنوم گونه‌های مختلف آبزیان می‌تواند در بهبود ارزیابی روابط درون و بین نژادهای موردنظر و در نتیجه درصد افرادی که از هر نژاد باید انتخاب شوند کمک کند (رای و یدرم، ۲۰۰۵).

چون اختلافات ژنتیکی میان ذخایر وحشی و پرورشی ممکن است در حدود متوسط باشد. بنابراین حتی در صورتی که نژادهای پرورشی در دسترس باشند، هنوز می‌توان استفاده از جمعیت‌های وحشی را در تشکیل جمعیت پایه مصنوعی مدنظر قرار داد (رای و یدرم، ۲۰۰۵). علاوه بر این، تصمیمات گرفته شده در مورد زمان تشکیل جمعیت پایه، پیامدهایی را بر روی پیشرفت ژنتیکی سایر صفات مورد نظر (چه صفات تولیدی چه صفات مرتبط با شایستگی) که ممکن است بخشی از اهداف بعدی برنامه اصلاح نژاد در آینده باشند، ایجاد می‌کند. در مورد گونه‌های که در حال حاضر برنامه اصلاح نژاد آن‌ها در حال اجرا است مانند تیلاپیا و ماهی آزاد اطلس می‌توان با وارد نمودن این گونه‌ها، شروع به کار کرد (فرناندز و همکاران، ۲۰۱۴). می‌توان در راستای افزایش واریانس صفات مرتبط با بیماری و کیفیت گوشت از استراتژی‌های وابسته به نشانگرهای مولکولی استفاده نمود، در حالی‌که برای صفاتی همانند رشد می‌توان از اطلاعات فنوتیپی بهره گرفت.

### رهیافت ترویجی

در این مقاله چگونگی ایجاد جمعیت پایه برنامه اصلاح نژاد در آبری‌پروری بررسی شده است. برای این منظور می‌توان از الگوی کلی زیر استفاده نمود:

منابع

1. Bentsen, H.B., Eknath, A.E., Pallada-de Vera, M.S., Danting, J.C., Bolivar, H.L., Reyes, R.A., Dionisio, E.E., Longalong, F.M., Circa, A.V., Tayamen, M.M., and Gjerde, B. 1998. Genetic improvement of farmed tilapias: Growth performance in a complete diallel cross experiment with eight strains of *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*, 160: 145-173.
2. Das Mahapatra, K., Saha, J.N., Sarangi, N., Jana, R.K., Gjerde, B., Nguyen, N.H., Khaw, H.L., and Ponzoni, R.W. 2007. In: Proceedings of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics. Pp: 37-40.
3. Donaldson, L.R., and Olson, P.A. 1957. Development of rainbow trout brood stock by selective breeding. *Trans. Am. Fish. Soc.* 85: 93-101.
4. Dong, Z., Nguyen, H., and Zhu, W. 2015. Genetic evaluation of a selective breeding program for common carp *Cyprinus carpio* conducted from 2004 to 2014. *BMC Genetics*. 16: 1-9.
5. Eknath, A.E., Bentsen, H.B., Ponzoni, R.W., Rye, M., Nguyen, N.H., Thodesen, J., and Gjerde, B. 2007. Genetic improvement of farmed tilapias: Composition and genetic parameters of a synthetic base population of *Oreochromis niloticus* for selective breeding. *Aquaculture*. 273: 1-14.
6. Eknath, A.E., Tayamen, M.M., Palada-de Vera, M.S., Danting, J.C., Reyes, R.A., Dionisio, E.E., Capilli, J.B., Bolivar, H.L., Abella, T.A., Circa, A.V., Bentsen, H.B., Gjerde, B., Gjedrem, T., and Pullin, R.S.V. 1993. Genetic improvement of farmed tilapias: The growth performance of eight strains of *Oreochromis niloticus* tested in different farm environments. *Aquaculture*. 111: 171-188.
7. Fernandez, J., Toro, A., Sonesson, A.K., and Villanueva, B. 2014. Optimizing the creation of base populations for aquaculture breeding programs using phenotypic and genomic data and its consequences on genetic progress. *Frontiers in Genetics*. 5: 414.
8. Gjedrem, T. Editor. 2005. Selection and breeding programs in aquaculture. Springer, Dordrecht, the Netherlands. 364p.
9. Gjedrem, T., GjØen, H.M., and Gjerde, B. 1991. Genetic origin of Norwegian farmed Atlantic salmon. *Aquaculture*, 98: 41-50.
10. Hayes, B., He, J., Moen, T., and Bennewitz, J. 2006. Use of molecular markers to maximise diversity of founder populations for aquaculture breeding programs. *Aquaculture*. 255: 573-578.
11. Holtmark, M., Klemetsdal, G., Sonesson, A.K., and Woolliams, J.A., 2008a. Establishing a base population for a breeding program in aquaculture, from multiple subpopulations, differentiated by genetic drift: I. effects of the number of subpopulations, heritability and mating strategies using optimum contribution selection. *Aquaculture*. 274: 232-240.
12. Holtmark, M., Klemetsdal, G., Sonesson, A.K., and Woolliams, J.A. 2008b. Establishing a base population for a breeding program in aquaculture, from multiple subpopulations, differentiated by genetic drift: II. Sensitivity to assumptions on the additive genetic relationships of base animals. *Aquaculture*. 274: 241-246.
13. Holtmark, M., Sonesson, A.K., Gjerde, B., and Klemetsdal, G. 2006. Number of contributing subpopulations and mating design in the base population when establishing a selective breeding program for fish. *Aquaculture*. 258: 241-249.
14. Hu, G., Gu, W., Bai, Q.L., and Wang, B.Q. 2013. Estimation of genetic parameters for growth traits in a breeding program for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) in China. *Genet. Mol. Res.* 12: 1457-1467.
15. Huang, S.S.O., and Liao, I.C. 1990. Response to mass selection for growth rate in *Oreochromis niloticus*. *Aquaculture*. 85: 199-205.
16. Hulata, G., Wohlfarth, G.W., and Halevy, A. 1986. Mass selection for growth rate in the Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Aquaculture*. 57: 177-184.

17. Kause, A., Ritola, O., Paananen, T., Wahlroos, H., and Mantysaari, E.A. 2005. Genetic trends in growth, sexual maturity and skeletal deformations, and rate of inbreeding in a breeding program for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture*. 247: 177-187.
18. Moav, R., and Wohlfarth, G.W. 1973. Carp breeding in Israel. In: R. Moav (ed.). *Agricultural Genetics Selected topics*. J. Wiley, New York, NY. 352p.
19. Moav, R., and Wohlfarth, G.W. 1976. Two way selection for growth rate in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Genetics*. 82: 83-101.
20. Olesen, I., Gjedrem, T., Bentsen, H.B., Gjerde, B., and Rye, M. 2003. Breeding programs for sustainable aquaculture. *J. Appl. Aquacul.* 13: 179-204.
21. Reddy, P.V.G.K., Gjerde, B., Tripathi, S.D., Jana, R.K., Mahapatra, K.D., Gupta, S.D., Saha, J.N., Sahoo, M., Lenka, S., Govindassamy, P., Rye, M. and Gjedrem, T. 2002. Growth and survival of six stocks of rohu (*Labeo rohita*) in mono and polyculture production systems. *Aquaculture*. 203: 239-250.
22. Rye, M., and Gjedrem, T. 2005. Measuring genetic change. In: Gjedrem, T. (Ed.), *Selection and Breeding Programs in Aquaculture*. Springer, Netherlands, Pp: 243-250.
23. Siitonen, L. 1986. Factors affecting growth in rainbow trout (*Salmo gairdneri*) stocks. *Aquaculture*. 57: 185-191.
24. Sonesson, A.K., Woolliams, J.A., and Meuwissen, T.H.E. 2005. Kinship, relationship and inbreeding. In: Gjedrem, T. (eds) *Selection and Breeding Programs in Aquaculture*. Springer, Netherlands.
25. Teichert-Coddington, D.R., and Smitterman, R.O. 1988. Lack of response by *tilapia nilotica* to mass selection for rapid early growth. *Transaction of the American Fisheries Society*. 117: 297-300.

