



فصلنامه علمی-پژوهشی فیزیولوژی گیاهی کاربردی

بهره‌برداری و پرورش آبزیان  
جلد نهم، شماره دوم، تابستان ۱۳۹۹  
۹۵-۱۰۴

<http://japu.gau.ac.ir>  
DOI: 10.22069/japu.2020.17399.1526

مقاله کامل علمی - پژوهشی

## بررسی تنوع لوکوس‌های صفات کمی (QTLs) مرتبط با صفت رشد در بچه‌ماهیان قزل‌آلای رنگین‌کمان پرورشی

\*سجاد نظری<sup>۱</sup> و حامد پاک‌نژاد<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup>استادیار پژوهشی مرکز تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد ماهیان سردآبی شهید مطهری یاسوج، مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور،

سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، یاسوج، ایران،

<sup>۲</sup>دانشیار دانشکده شیلات و محیط زیست، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۰۹/۱۰؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۱۱/۲۷

### چکیده

امروزه به‌کارگیری روش‌های مولکولی مانند شناسایی چندشکلی‌های تک‌نوکلئوتیدی (SNP) و نشانگرهای جایگاه ژنی کنترل‌کننده صفات کمی (QTLs) می‌تواند به بهبود ژنتیکی گونه قزل‌آلای رنگین‌کمان پرورشی کمک شایانی نماید. جهت اجرای این پژوهش از ۳۰ مولد نر و ماده قزل‌آلای رنگین‌کمان در مرکز تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد ماهیان یاسوج در فصل تکثیر استفاده شد. پس از پرورش به‌مدت شش ماه، استخراج ژنوم از بچه‌ماهیان طبق روش استاندارد صورت پذیرفت. تعداد ۴ جفت لوکوس صفت کمی (QTL) معرفی شده برای قزل‌آلای رنگین‌کمان در این پژوهش مورد استفاده قرار گرفت. در ادامه آنالیزهای مولکولی نشانگرهای QTL مانند پیوستگی صفت-نشانگر (آماره LD) به کمک نرم‌افزارهای GDA 1.1 و MapChart 2.1 انجام پذیرفت. آنالیز ارتباط بین ژنوتیپ‌ها و صفت رشد با استفاده از مدل خطی GLM به کمک نرم‌افزار SPSS 21.0 انجام شد. با توجه به نتایج این بررسی هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho) و مورد انتظار (He) در جایگاه‌های QTL به‌ترتیب بین ۰/۳۵۴-۰/۶۹۹ مربوط به جایگاه OMM5140 و ۰/۵۶۸-۰/۸۳۶ مربوط به جایگاه OMM1268 به‌دست آمدند. میزان درصد واریانس (PV) نیز برای صفت وزن بدن در سن ۳۰ و ۱۸۰ روزگی به‌ترتیب ۱۸/۴۸ و ۳۱/۲۴ محاسبه شد. هم‌چنین در بررسی حاضر اثر اپیستازی معنی‌داری بین جایگاه‌های QTL مورد مطالعه، مشاهده نگردید. در بررسی تعادل هاردی-واینبرگ نیز در بیش‌تر جایگاه‌های مورد بررسی انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ را مشاهده شد ( $P < 0/05$ ). با توجه به تنوع جایگاه ژنی کنترل‌کننده صفات کمی نمونه‌های قزل‌آلای رنگین‌کمان و از طرفی اهمیت شناسایی لوکوس‌های صفات کمی مرتبط با رشد، لوکوس‌های صفات کمی مرتبط با صفت مزبور در خانواده‌های ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان را می‌توان در برنامه‌های آینده و یا مزارع پرورشی مختلف مورد استفاده قرار داد.

واژه‌های کلیدی: به‌گزینی، تنوع ژنتیکی، قزل‌آلای رنگین‌کمان، لوکوس‌های صفات کمی

\*مسئول مکاتبه: [sajadnazari13@gmail.com](mailto:sajadnazari13@gmail.com)

## مقدمه

قزل‌آلای رنگین‌کمان (*Oncorhynchus mykiss*) گونه غالب پرورشی ماهیان سردآبی در کشور بوده و تاکنون تلاش‌های بسیاری در جهت ارتقا سطح کیفی پرورش این گونه در کشور انجام شده است. از فعالیت‌های تحقیقاتی مربوط به این گونه می‌توان به برخی مطالعات مانند اکولوژیکی (داویدسون، ۲۰۱۲)، زیست‌شناسی تکاملی (تیلور، ۲۰۱۱)، فیزیولوژی (سالم و همکاران، ۲۰۱۵) سلولی مولکولی (نیکولاس و همکاران، ۲۰۰۳؛ پالتی و همکاران، ۲۰۱۵؛ لیو و همکاران، ۲۰۱۵) بوده است.

امروزه روش‌های مولکولی در آبی‌پروری پیشرفت زیادی داشته و این فن‌آوری‌ها به درک ژنتیک صفات اقتصادی و تشریح تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی بسیار کمک نموده است (رینگ و همکاران، ۲۰۱۰). روش‌های ژنومی مانند انتخاب به کمک نشانگر (MAS) و انتخاب ژنومی<sup>۲</sup> (انتخاب کل ژنوم (GS))، می‌تواند دسترسی به نشانگرهای مولکولی زیادی را با هزینه ارزان‌تری برای شناسایی لوکوس‌های صفات کمی<sup>۳</sup> (QTL) در یک گونه خاص به دست دهد (بارا و همکاران، ۲۰۱۸؛ فنگ و همکاران، ۲۰۱۸؛ پالاکاستاس و همکاران، ۲۰۱۸). جایگاه‌های QTL مکان‌هایی در ژنوم هستند که تنوع آن‌ها موجب بروز صفات و به‌گزینی برای آن‌ها انتخاب به کمک نشانگر<sup>۴</sup> نامیده می‌شود (سونسون، ۲۰۰۹). مزیت انتخاب به کمک نشانگر در مقایسه با به‌گزینی سنتی زمانی است که وراثت‌پذیری یک صفت پایین و یا در ماهیان انتخابی صفت موردنظر قابل اندازه‌گیری نباشد (گائو و همکاران، ۲۰۱۸؛ نتو و همکاران، ۲۰۱۹).

تاکنون مطالعات مختلفی در زمینه ژنتیک کمی قزل‌آلای رنگین‌کمان در کشور انجام پذیرفته است.

به‌عنوان مثال نظری و همکاران (۲۰۱۶) توالی ژن میوستاتین قزل‌آلای رنگین‌کمان بررسی و ارتباط بین چندشکلی‌های تک‌نوکلئوتیدی (SNPs) این ژن با صفات کمی رشد با استفاده از روش توالی‌یابی و PCR-SSCP مورد آنالیز قرار داد. در مطالعه فوق تعداد دو جهش تک‌نوکلئوتیدی (g.660T>C و g.1904C>A) در نواحی ایترون ۱ و ۲ ژن میوستاتین با استفاده از روش PCR-SSCP شناسایی و آنالیزهای پیوستگی هاپلوتیپ و صفات کمی رشد نشان دادند بین ژنوتیپ‌های TC و CC در نقطه g.1904C>A ارتباط معنی‌داری با طول و وزن در زمان ۹۰ و ۱۵۰ روزگی بچه‌ماهیان وجود دارد.

با دنبال کردن نشانگرهای پراکنده شده در ژنوم و یافتن هماهنگی آن‌ها با تنوع صفت کمی در جمعیت مورد بررسی می‌توان به QTL های متعدد درگیر در کنترل صفت موردنظر دست یافت (مقدم و همکاران، ۲۰۰۷؛ چن و همکاران، ۲۰۱۸). ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان دارای صفات کیفی و کمی بسیار زیادی است (آندو و همکاران، ۲۰۰۵؛ غربی و همکاران، ۲۰۰۶) که هر یک از آن‌ها بالقوه می‌تواند مورد اصلاح نژاد قرار گیرد، اما با توجه به اهمیت اقتصادی متفاوت صفات و نیز طولانی بودن روش‌های اصلاح نژاد کلاسیک، فقط تعداد معدودی از صفات باید وارد برنامه ملی ژنتیک و اصلاح نژاد ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان شوند که در پژوهش حاضر این اهداف شامل ارزیابی سطوح توزیع تنوع ژنتیکی لوکوس‌های صفت کمی مرتبط با صفت رشد در قزل‌آلای رنگین‌کمان پرورشی می‌باشند.

## مواد و روش‌ها

در این بررسی تعداد ۳۰ نمونه از مولدین ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان تحت شرایط استاندارد به مرکز تحقیقات ماهیان سردآبی شهید مطهری یاسوج منتقل

- 1- Marker assisted selection
- 2- Genome-wide selection
- 3- Quantitative trait loci
- 4- Marker-Assisted Selection

مولکولی انجام پذیرفت و سپس به آزمایشگاه ژنتیک مرکز انتقال یافتند.

**استخراج DNA و مراحل PCR:** برای استخراج DNA ماهیان قزل‌آلای رنگین‌کمان از روش فنل-کلروفرم استفاده گردید (نظری و همکاران، ۲۰۱۶). به‌منظور مشخص شدن کیفیت و کمیت DNA استخراج‌شده از روش‌های اسپکتروفتومتری و الکتروفورز استفاده گردید. در روش اسپکتروفتومتری برای تعیین کمیت DNA استخراج شده، پس از کالیبره‌کردن اسپکتروفتومتر با آب مقطر، ۲۰ میکرولیتر از DNA ژنومی به‌وسیله آب مقطر به حجم ۳۰۰ میکرولیتر رسانده شد، مقدار جذب نوری نمونه‌های DNA در طول موج ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر و نسبت A260/280 به‌وسیله دستگاه اندازه‌گیری و ثبت گردید. چهار جفت آغازگر مرتبط با صفت کمی رشد قزل‌آلای رنگین‌کمان به طول ۱۸-۲۴ باز، به‌دست آمده از ترادف DNA ژنومی آزاد ماهیان انتخاب و سپس به شرکت MWG-Biotech برای ساخت سفارش داده شد (کندری و بنتزن، ۱۹۹۸؛ پالتی و همکاران، ۲۰۰۲). مشخصات پرایمرهای مورد استفاده برای ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان در جدول ۱ آمده است.

شدند. مولدین انتخاب‌شده از نظر سنی تقریباً در شرایط یکسان و فاقد علائم بیماری بودند. هم‌چنین غذایی در دوره نگهداری مولدین به‌صورت مرتب و با استفاده از غذاهای تجاری (BFT، شرکت فرادانه) براساس دستورالعمل موجود روزانه دو بار انجام محاسبه می‌شد. با استفاده از تلاقی‌های مختلف از مولدین، خانواده‌های تنی به‌دست آمدند که به‌صورت جداگانه مدیریت می‌شدند. بر اساس طرح فاکتوریل مولدین نر و ماده‌هایی که رسیدگی جنسی مناسبی پس از معاینه داشتند، برای عملیات تکثیر انتخاب شدند. در ادامه بچه‌ماهیان حاصل به‌مدت شش ماه تحت شرایط کنترل‌شده پرورش یافتند. پارامترهای مختلف پرورشی مانند دما و ورودی آب کنترل و به‌منظور به حداقل رساندن تنوع محیطی و اثرات متقابل ژنوتیپ-محیط، شرایط یکسانی برای گروه‌های مختلف در یک دوره پرورشی فراهم گردید. غذایی با استفاده از غذاهای مرغوب تجاری و به‌صورت روزانه صورت گرفت. در طول دوره پرورش بچه‌ماهیان صفات کمی وزن بدن (BW) و طول کل (TL) بچه‌ماهیان در فواصل ۳۰، ۱۲۰ و ۱۸۰ روز اندازه‌گیری شدند. نمونه‌برداری از انتهای باله بچه‌ماهیان برای فعالیت‌های

جدول ۱- خصوصیات و دمای اتصال جایگاه‌های QTL بررسی شده در ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان.

جایگاه	توالی آغازگر	دمای اتصال (درجه سانتی‌گراد)
OMM1046	F-TCC AGC CAG ACA CAC R-TCC TTT TCT TCC CTT TCT TTC C	۵۷
OMM1307	F-GAA CTT TGA CTC CTC ATT GTG AG R- CGG AGT CCG TAT CCT TCC C	۵۸
OMM1019	F-ATT CGT GCG TGT GTA CGT R-CTA TTG GGG GTT GTG TTC TCA	۵۴
OMM1050	F- ACC CTA GTC ATT CAG TCA GG R- GAT CAC TGT GAT AGA CAT CG	۵۶

ANOVA و GridQTL صورت پذیرفت (وورپس ۲۰۰۲). فراوانی اللی و ژنوتیپی و تعادل هاردی-واینبرگ و هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار به کمک نرم‌افزار genepop32 محاسبه شد (یه و همکاران، ۱۹۹۹). آنالیز ارتباط بین ژنوتیپ‌ها و صفت رشد با استفاده از مدل خطی<sup>۱</sup> GLM به کمک نرم‌افزار SPSS 21.0 انجام شد. جهت شناسایی فنوتیپ صفت با انحراف معیار کوچک‌تر از ۰/۵ و انحراف از توزیع نرمال، آنالیز داده‌های صفت کمی وزن و طول بچه‌ماهیان با استفاده از برنامه SOLAR (الماسی و بلانگرو، ۱۹۹۸؛ نات و همکاران، ۱۹۹۶) انجام گرفت. هم‌چنین تست ضریب تصحیح بونفرونی (در سطح  $\alpha < 0/01$ ) برای کاستن از خطای نوع اول در همه نمونه‌ها انجام شد. بر اساس روش (والجو و همکاران، ۲۰۱۷) QTL هایی که ضریب F آن بیش‌تر از ضریب F کل کروموزوم‌ها ( $P = 0/05$ ) بود به‌عنوان QTL های مؤثر معرفی می‌شدند.

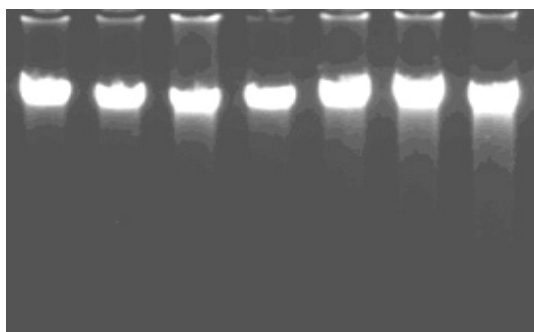
### نتایج

بررسی شدت وضوح باندهای DNA بر روی ژل آگارز (یک درصد) و مشاهده شدت باندهای تولید شده نشان داد که DNA استخراج شده از باله ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان از کیفیت مناسبی برای استفاده در آزمایش‌ها PCR برخوردار می‌باشند. باندهای DNA بسیار شفاف و فاقد آلودگی پروتئینی، فنلی و یا RNA بود (شکل ۱).

برای انجام PCR و تکثیر ژن هدف، ۱۰۰ نانوگرم DNA استخراجی، ۱ میکرولیتر از پرایمرها (۱۰ پیکومول) به‌علاوه ۰/۵ میکرولیتر dNTP (۱۰ میلی‌مولار)، ۰/۳ میکرولیتر Taq polymerase (۲/۵ میکرولیتر بافر PCR (10X)، ۰/۹ میکرولیتر  $MgCl_2$  (۵۰ میلی‌مولار) در یک ویال ۰/۲ میلی‌لیتری آماده، که در نهایت حجم آن با آب مقطر به ۲۵ میکرولیتر رسانده شد، لوله‌ها پس از چند ثانیه سانتیفریوژ در ترموسایکلر قرار گرفتند.

برای بهینه کردن PCR ابتدا PCR استاندارد که شامل مراحل زیر است را انجام داده و سپس با توجه به محصولات PCR اقدام به تغییر شرایط گردید. در مرحله اول با دادن دامنه حرارتی، بهترین دمای اتصال هر کدام از آغازگرها به رشته الگو به‌دست آمد و در مرحله بعد جهت تظاهر خوب باندها و حذف شکستگی (اسمیر) غلظت  $MgCl_2$ ، DNA ژنومی، آغازگر و dNTPs بهینه‌سازی گردید. شرایط چرخه دمایی برای هر جایگاه QTL شامل ۹۴ درجه سانتی‌گراد برای ۶۰ ثانیه، درجه حرارت اتصال (۵۸-۵۴ درجه سانتی‌گراد) به‌مدت ۳۰ ثانیه و ۷۲ درجه سانتی‌گراد برای ۴۵ ثانیه، با یک بسط نهایی ۷۲ درجه برای ۵ دقیقه بود. محصول PCR به روش الکتروفورز با ژل پلی‌اکریل‌آمید ۸ درصد مورد ارزیابی قرار گرفت و اندازه قطعات حاصل از PCR با مقایسه با نشانگر DNA (pBR322 DNA/AluI Marker, 20, MBI Fermentas) به‌دست آمد.

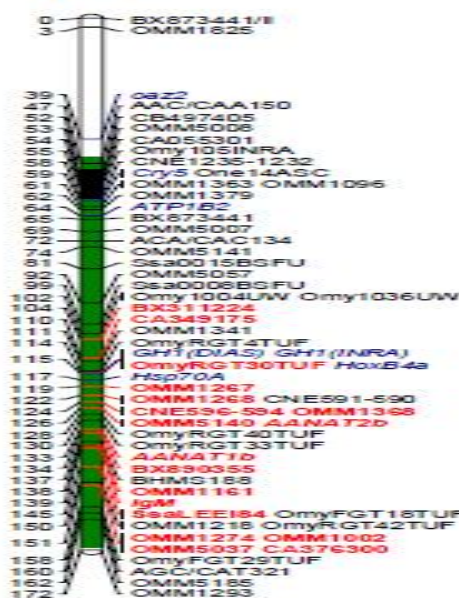
**آنالیز آماری:** آنالیزهای مولکولی نشانگرهای QTL مانند پیوستگی صفت- نشانگر (آماره LD)، محاسبه بیش‌ترین اثرات هر لوکوس، میانگین تنوع اللی هر صفت در هر گروه تکثیر به کمک نرم‌افزارهای آماری QT-Analysis-، MapChart 2.1، GDA 1.1



شکل ۱- نمونه‌ای از DNA استخراج‌شده به روش فنل - کلروفورم بر روی ژل آگارز ۰/۸ درصد.

OMM5140 تا ۰/۶۹۹ (خانواده ۳) مربوط به جایگاه OMM5140 بود. هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) نیز گانه بین ۰/۵۶۸ (خانواده ۱) مربوط به جایگاه OMM1268 تا ۰/۸۳۶ (خانواده ۳) مربوط به جایگاه OMM5140 بود. تنوع درون جمعیتی یا تنوع ژنی به صورت هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H<sub>o</sub>) و هتروزیگوسیتی مورد انتظار (H<sub>e</sub>) در هر لوکوس و برای هر خانواده در جدول ۲ نشان داده شده است.

نتایج الگوهای باندی به دست آمده از جایگاه‌های QTLی نشان داد که محدوده اندازه باندها بین ۱۱۸-۳۴۱ جفت باز بوده است. در بررسی و مطالعات تنوع ژنی درون خانواده‌های یک گونه از معیارهای هم‌چون هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H<sub>o</sub>) و مورد انتظار (H<sub>e</sub>) برای هر خانواده و در هر لوکوس استفاده می‌شود. هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H<sub>o</sub>) در جایگاه‌های QTL بین ۰/۳۵۴ (خانواده ۴) مربوط به جایگاه



شکل ۲- جایگاه ژنی لوکوس‌های مرتبط با رشد در گروه لینکاژ ۹ قزل‌آلای رنگین‌کمان.

مربع کای یا  $\chi^2$  استفاده شد. در بررسی تعادل هاردی- واینبرگ مزارع در بیش‌تر جایگاه‌های مورد بررسی

به منظور بررسی تعادل هاردی- واینبرگ در تمامی مزارع مورد بررسی و لوکوس‌های مختلف از آزمون

مشاهده‌شده و قابل‌انتظار در خانواده‌ها و جایگاه‌های مختلف آمده است.

انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ را نشان داده و خارج از تعادل بودند. در جدول ۳ تعداد آل‌های مشاهده شده و قابل‌انتظار و مقدار هتروزیگوسیتی

جدول ۲- سطح معنی‌داری جایگاه‌های QTL در قزل‌آلای رنگین‌کمان با شاخص‌های صفت کمی رشد وزن و طول بدن.

خانواده	وزن ۳۰ روزگی (mg)	طول ۳۰ روزگی (mm)	وزن ۱۲۰ روزگی (g)	طول ۱۲۰ روزگی (cm)	وزن ۱۸۰ روزگی (g)	طول ۱۸۰ روزگی (cm)
خانواده ۱	۵۶۶/۸ ± ۱۴/۳۷	۳۴/۴ ± ۰/۴۲	۳/۲۲ ± ۰/۲۲	۴۸/۴ ± ۰/۲۵	۱۳/۶۲ ± ۰/۳۵	۱۰/۲ ± ۰/۳۱
خانواده ۲	۵۵۴/۲ ± ۲۲/۰۸	۳۵/۳ ± ۰/۳۸	۳/۳۵ ± ۰/۱۸	۴۷/۲ ± ۰/۳۶	۱۲/۸۲ ± ۰/۶۶	۱۰/۲ ± ۰/۵۴
خانواده ۳	۵۷۳/۴ ± ۲۰/۱۱	۳۷/۵ ± ۰/۱۹	۳/۶۵ ± ۰/۱۹	۴۷/۲ ± ۰/۱۲	۱۳/۷۵ ± ۰/۳۵*	۱۱/۱ ± ۰/۴۲
خانواده ۴	۵۸۳/۷ ± ۱۸/۰۹	۳۹/۱ ± ۰/۲۰	۴/۱۱ ± ۰/۴۶	۵۳/۲ ± ۰/۱۷	۱۴/۷۸ ± ۰/۲۵*	۱۱/۳ ± ۰/۴۸
آستانه ضریب تصحیح بونفرونی <sup>۱</sup>	۳/۶۵	۳/۷۲	۳/۴۱	۳/۵۹	۳/۶۸	۳/۲۱
ضریب F <sup>۲</sup>	۳/۲۰	۳/۳۶	۳/۵۱	۳/۹۴	۳/۴۸	۴/۵۲
درصد واریانس (PV)	۱۸/۴۸	۲۵/۳۴	۱۹/۲۲	۲۶/۸۴	۳۱/۲۴	۲۷/۵۹

جدول ۳- تعداد آل‌های مشاهده‌شده و قابل‌انتظار و مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و قابل‌انتظار در مزارع و جایگاه‌های مختلف.

خانواده	جایگاه	N <sub>A</sub>	Ne	Ho	H <sub>E</sub>
خانواده ۱	OMM1268	۴	۳/۶۵	۰/۴۸۳	۰/۵۶۸
	OMM5140	۵	۲/۷۱	۰/۴۲۸	۰/۶۱۲
	OMM1161	۳	۱/۵۲	۰/۶۲۴	۰/۶۹۵
	OMM5037	۴	۳/۳۰	۰/۳۸۴	۰/۵۷۲
میانگین					
خانواده ۲	OMM1268	۵	۴/۳۶	۰/۳۴۱	۰/۶۸۱
	OMM5140	۶	۴/۲۵	۰/۴۹۶	۰/۶۳۴
	OMM1161	۴	۲/۷۸	۰/۳۴۹	۰/۶۱۸
	OMM5037	۶	۶/۴۶	۰/۶۸۱	۰/۷۵۹
میانگین					
خانواده ۳	OMM1268	۵	۴/۶۶	۰/۵۲۵	۰/۶۷۹
	OMM5140	۴	۵/۶۵	۰/۶۹۹	۰/۸۳۶
	OMM1161	۲	۲/۱۰	۰/۴۴۷	۰/۶۳۴
	OMM5037	۴	۳/۲۹	۰/۵۲۸	۰/۷۳۶
میانگین					
خانواده ۴	OMM1268	۴	۲/۲۵	۰/۴۳۷	۰/۶۲۵
	OMM5140	۳	۱/۴۵	۰/۳۵۴	۰/۷۶۶
	OMM1161	۵	۳/۴۸	۰/۴۵۸	۰/۷۳۴
	OMM5037	۶	۴/۴۴	۰/۳۵۷	۰/۶۱۳
میانگین					
۰/۶۸۴					

1- Bonferroni corrected threshold

2- F-ratio

### بحث و نتیجه‌گیری

بررسی حاضر به مطالعه تنوع جایگاه‌های صفت کمی (QTL) با استفاده از چهار جفت آغازگر پرداخت. نتایج نشان داد خانواده‌های مختلف قزل‌آلای رنگین‌کمان از تنوع اللی در جایگاه‌های صفت کمی (QTL) مناسبی برخوردارند و میزان هتروزیگوسیتی بالا بیانگر این مطلب بوده به طوری که دامنه هتروزیگوسیتی مشاهده شده ( $H_0$ ) بین خانواده‌های مختلف بین ۰/۳۵۴ (خانواده ۴) تا ۰/۶۹۹ (خانواده ۳) متغیر بود هر چند اختلاف معنی‌داری در جایگاه‌های QTL مرتبط با رشد در خانواده‌ها مشاهده نگردید. از دلایل این امر می‌توان به اندازه نمونه‌ها، اثرات ایستازی جایگاه‌های QTL به علت غالبیت اشاره نمود (وانگ و همکاران، ۲۰۰۶؛ والجو و همکاران، ۲۰۱۷). این مسأله در مورد ماهیان پرورشی در موارد بسیاری گفته می‌شود و از دلایل این تنوع بالا می‌تواند اختلاط نژادهای مختلف در مرکز پرورشی باشد. در مزارع پرورشی تصمیم‌گیری در مورد این که کدام نژادها باید حفظ شوند، باید بر اساس حفظ حداکثر تنوع ژنتیکی در ذخیره ژنی صورت گیرد (تمپلتون، ۲۰۰۴). با حفظ نمونه‌هایی از تمامی نژادهای یک گونه که دارای بیش‌ترین تفاوت ژنتیکی می‌باشند، می‌توان حداکثر تنوع ژنتیکی را حفظ نمود. این نمونه‌ها نژادهایی را شامل می‌گردند که دارای آلل‌ها یا ترکیبات آللی منحصر به فرد می‌باشند.

نتایج داده‌های درصد واریانس به دست آمده در این پژوهش تنوع اللی نسبتاً بالایی را در جایگاه‌های QTL مرتبط با رشد بچه‌ماهیان در خانواده‌های مختلف نشان دادند ولی از نظر آماری اختلاف معنی‌داری مشاهده نگردید. اگرچه دقت مکان‌یابی QTL در برخی از مطالعات نسبتاً کم و دست‌یافتن به ژن‌های واقعی دخالت‌کننده از روی مکان QTL‌ها مشکل گزارش شده است، برخی پژوهشگران تنوع

اللی بالایی از جایگاه‌های QTL را در جمعیت‌های پرورشی قزل‌آلای رنگین‌کمان گزارش نمودند (هایدل و همکاران، ۲۰۰۸؛ والجو و همکاران، ۲۰۱۷). به عنوان مثال قوتی و همکاران (۱۳۸۹) به منظور بررسی ساختار و غربالگری جمعیت مولدین ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان کارگاه شهید باهنر کلاردشت بر اساس حضور یا عدم حضور نشانگرهای ریزماهواره پیوسته با صفت وزن بدن تعداد ۹۲ نمونه از مولدین را در فصل تکثیر با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) بر اساس سه آغازگر OmyRGT14TUF، OmyRGT4TUF و OmyRGT1TUF مورد بررسی قرار دادند. در مطالعه مزبور ارتباط حضور یا عدم حضور این نشانگرها با صفت وزن بدن در ۲۵ درصد از افراد جمعیت با وزن بالا، بیانگر تأثیر معنی‌دار ( $P < 0.05$ ) نشانگر OmyRGT4TUF و ارتباط ۱۰۰ درصدی نشانگر OmyRGT14TUF با صفت وزن بدن در جنس ماده و نیز ارتباط ۱۰۰ درصدی نشانگرهای OmyRGT14TUF و OmyRGT1TUF با صفت وزن بدن در جنس نر نشان داده شد که با نتایج بررسی حاضر همخوانی دارد. بر خلاف جایگاه‌های صفات کیفی، ژن‌هایی که به نظر کنترل‌کننده یا مؤثر بر صفات کمی هستند، بسیار به ندرت شناسایی شده‌اند (مارتینیوک و همکاران، ۲۰۰۳؛ گوتیرز و همکاران، ۲۰۱۴). اگرچه تأثیرپذیری صفات کمی از جایگاه‌های کنترل‌کننده آن‌ها واضح و آشکار است اما باید بیان نمود که این دسته از صفات، به میزان زیادی تحت تأثیر محیط زیستی که موجود در آن حضور دارد، نیز قرار دارند. لاغری و همکاران (۲۰۱۴) با بررسی ارتباط جایگاه‌های QTL با صفات کمی ماهیان کپور معمولی تعداد ۱۲ QTL مرتبط با وزن بدن را شناسایی نمودند. هم‌چنین با توجه به نتایج حاصل از بررسی حاضر می‌توان بیان نمود که در اغلب جایگاه‌ها انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ را نشان می‌دهند.

هیوستون و همکاران، ۲۰۰۹؛ یوشیدا و همکاران، ۲۰۱۸). در هر حال باید توجه داشت که جنبه‌های ژنتیکی مدیریت ذخایر ماهیان مولد، باید به‌عنوان یک بخش مستقل در مدیریت کارگاه گنجانده شود (پرز و همکاران، ۲۰۰۱).

در مجموع به‌نظر می‌رسد خانواده‌های مورد استفاده در این بررسی تنوع مناسبی از نظر تنوع اللی و درصد واریانس داشته است و بنابراین نماینده مناسبی برای معرفی به یک برنامه اصلاح نژادی هستند. این جمعیت این قابلیت را دارد که به‌عنوان ذخیره ژنتیک مناسب استفاده شود. بررسی‌های آینده نیازمند استفاده از لوکوس‌های QTL بیش‌تری می‌باشد و هم‌چنین ضروری است نمونه‌های مزارع پرورشی نقاط مختلف کشور در برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگرهای مولکولی مورد مطالعه قرار گیرند.

انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ را می‌توان به آمیزش‌های خویشاندی در بین نمونه‌ها، تعداد کم نمونه‌ها و خطای نمونه‌برداری (نمونه‌برداری از افراد خویشاند) نسبت داد (زائو و همکاران، ۲۰۰۵؛ رودرگوئز و همکاران، ۲۰۱۸) و با توجه به نبود ثبت شجره ماهیان مطالعات بیش‌تری را باید در آینده در دستور کار قرار داد. معمولاً در یک جامعه محدود افراد خویشاوند با هم آمیزش داشته و باعث از دست رفتن تنوع و کاهش سازگاری و شایستگی می‌شود. بیش‌تر پژوهشگران بر این باورند که جمعیت‌های پرورشی به دلایل گوناگون مانند استفاده از نسبت‌های جنسی نابرابر در تکثیر مصنوعی، بقای متفاوت نتاج حاصل از آمیزش درون خانواده‌ها و هم‌چنین آمیزش خویشاوندی کاهش تنوع ژنتیکی را به‌دنبال خواهند داشت (هانسن و همکاران، ۲۰۰۰؛

#### منابع

- Almasy, L., and Blangero, J. 1998. Multipoint quantitative-trait linkage analysis in general pedigrees. *Am. J. Hum. Gen.* 62: 1198-1211.
- Ando, D., Kitamura, T., and Mizuno, S. 2005. Quantitative analysis of body silvering during smoltification in masu salmon using chromameter. *North Am. J. Aquacul.* 67: 160-166.
- Barra, A., Christensen, K.A., Yoshida, G.M., Correa, K., Jedlicki, A., and Lhorente, J.P. 2018. Genomic predictions and genome-wide association study of resistance against *Piscirickettsia salmonis* in coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) using ddRAD sequencing. *Genes, Genomes, Genetics.* 8: 1183-1194.
- Chen, L., Peng, W., and Kong, S. 2018. Genetic mapping of head size related traits in common carp (*Cyprinus carpio*). *Front. Gen.* 9: 38.
- Davidson, W.S. 2012. Adaptation genomics: next generation sequencing reveals a shared haplotype for rapid early development in geographically and genetically distant populations of rainbow trout. *Mol. Ecol.* 21: 219-222.
- Feng, X., Yu, X., Fu, B., Wang, X., Liu, H., and Pang, M. 2018. A high-resolution genetic linkage map and QTL fine mapping for growth-related traits and sex in the Yangtze River common carp (*Cyprinus carpio haematopterus*). *BMC Genomics.* 19: 1. 230-241.
- Gao, G., Nome, T., Pearse, D., Moen, T.M, Naish, K., and Thorgaard, G.H. 2018. A new single nucleotide polymorphism database for rainbow trout generated through whole genome resequencing. *Front. Gen.* 9: 147.
- Gharbi, K., Gautier, A., Danzmann, R.G., Gharbi, S., and Sakamoto, T. 2006. A linkage map for brown trout (*Salmo trutta*): chromosome homeologies and comparative genome organization with other salmonid fish. *Genetics.* 172: 2405-2419.
- Ghovati, N., Farahmand, H., Rafiee, Mirvaghefi, G.H., Mohammadtaheri, A.M., and Khalili, B. 2010. Use of



- microsatellite associated with body weight in screening of rainbow trout brood stock population (*Oncorhynchus mykiss*). Iran. J. Natur. Res. 63: 1. 19-28.
10. Gutierrez, A.P., Lubieniecki, K.P., Fukui, S., Withler, R.E., and Swift, B. 2014. Detection of quantitative trait loci (QTL) related to grilising and late sexual maturation in Atlantic salmon (*Salmo salar*). Mar. Biotechnol. 16: 103-110.
  11. Haidle, L., Janssen, J.E., Gharbi, K., Moghadam, H.K., Ferguson, M.M., and Danzmann, R.G. 2008. Determination of quantitative trait loci (QTL) for early maturation in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Mar. Biotechnol. (NY), 10: 579-592.
  12. Hansen, M., Nielsen, E., Ruzzante, D., Bouza, C., and Mensberg, K. 2000. Genetic monitoring of supportive breeding in brown trout (*Salmo trutta* L.) using microsatellite DNA markers. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 57: 2130-2139.
  13. Houston, R.D., Bishop, S.C., Hamilton, A., Guy, D.R., Tinch, A.E., and Taggart, J.B. 2009. Detection of QTL affecting harvest traits in a commercial Atlantic salmon population. Animal Gen. 40: 753-755.
  14. Knott, S.A., Elsen, J.M., and Haley, C.S. 1996. Methods for multiple-marker mapping of quantitative trait loci in half-sib populations. Theor. Appl. Gen. 93: 71-80.
  15. Laghari, M.Y., Lashari, P., Zhang, X., Xu, P., Narejo, N.T., and Liu, Y. 2014. Mapping QTLs for swimming ability related traits in *Cyprinus carpio* L. Mar. Biotechnol. 16: 629-37.
  16. Liu, S., Vallejo, R.L., Palti, Y., Gao, G., and Marancik, D.P. 2015. Identification of single nucleotide polymorphism markers associated with bacterial cold water disease resistance and spleen size in rainbow trout. Front. Gen. 6: 1-10.
  17. Martyniuk, C.J., Perry, G.M.L., Moghadam, H.K., Ferguson, M.M., and Danzmann, R.G. 2003. The genetic architecture of correlations among growth-related traits and male age at maturation in rainbow trout. J. Fish Biol. 63: 746-764.
  18. Moghadam, H.K., Poissant, J., Fotherby, H., Haidle, L., and Ferguson, M.M. 2007. Quantitative trait loci for body weight, condition factor and age at sexual maturation in Arctic charr (*Salvelinus alpinus*): comparative analysis with rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and Atlantic salmon (*Salmo salar*). Mol. Gen. Genom. 277: 647-661.
  19. Nazari, S., Jafari, V., Pourkazemi, M., Kolangi Miandare, H., and Abdolhay, H. 2016. Association between myostatin gene (MSTN-1) polymorphism and growth traits in domesticated rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Agric. Gen. 1: 109-115.
  20. Neto, R.V.R., Yoshida, G.M., Lhorente, J.P., and Yanez, J.M. 2019. Genome-wide association analysis for body weight identifies candidate genes related to development and metabolism in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Mol. Genet. Genom. Pp: 1-9.
  21. Nichols, K.M., Young, W.P., Danzmann, R.G., Robison, B.D., Rexroad, C., Noakes, M., Phillips, R.B., Bentzen, P., Spies, I., Knudsen, K., Allendorf, F.W., Cunningham, B.M., Brunelli, J., Zhang, H., Ristow, S., Drew, R., Brown, K.H., Wheeler, P.A., and Thorgaard, G.H. 2003. A consolidated linkage map for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Animal Gen. 34: 102-115.
  22. Palaiokostas, C., Kocour, M., Prchal, M., and Houston, R.D. 2018. Accuracy of genomic evaluations of juvenile growth rate in common carp (*Cyprinus carpio*) using genotyping by sequencing. Front. Gen. 9: 82.
  23. Palti, Y., Gao, G., Liu, S., Kent, M.P., Lien, S., Miller, M.R., Rexroad, C.E., and Moen, T. 2015. The Development and Characterization of a 57K SNP Array for Rainbow Trout. Mol. Ecol. Resour. 15: 662-672.
  24. Pérez, L., Winkler, F., Díaz, N., Cárcamo, C., and Silva, N. 2001. Genetic variability in four hatchery strains of coho salmon, *Oncorhynchus kisutch* (Walbaum), in Chile. Aqua. Res. 32: 41-46.
  25. Rodriguez, F.H., Caceres, G., Lhorente, J.P., Newman, S., Bangera, R., and Tadich, T. 2018. Genetic (co)variation

- in skin pigmentation patterns and growth in rainbow trout. *Animal*. 7: 1-8.
26. Salem, M., Panerum, B., Al-Tobasei, R., Abdouni, F., and Thorgaard, G.H. 2015. Transcriptome Assembly, Gene Annotation and Tissue Gene Expression Atlas of the Rainbow Trout. *PLoS ONE* 10(3):e0121778.
27. Sonesson, A.K., and Meuwissen, T.H.E. 2009. Testing strategies for genomic selection in aquaculture breeding programs. *Gen. Select. Evol.* 41: 1-9.
28. Taylor, E.B., Tamkee, P., Keeley, E.R., and Parkinson, E.A. 2011. Conservation prioritization in widespread species: the use of genetic and morphological data to assess population distinctiveness in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) from british columbia, *Can. Evol. Appl.* 4: 100-115.
29. Templeton, N.S. 2004. *Gene and cell therapy: therapeutic mechanisms and strategies*. Marcel Dekker, New York.
30. Vallejo, R.L., Liu, S., Gao, G., Fragomeni, B.O., and Hernandez, A.G. 2017. Similar genetic architecture with shared and unique quantitative trait loci for bacterial cold water disease resistance in two rainbow trout breeding populations. *Front. Gen.* 8: 156.
31. Voorrips, R.E. 2002. MapChart: software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. *J. Hered.* 93: 77-78.
32. Wang, C.M., Lo, L.C., Zhu, Z.Y., and Yue, G.H. 2006. A genome scan QTL for growth-related traits in an F1 family from a breeding population of Asian seabass. *BMC Genomics*. 7: 274.
33. Wringe, R.H., Devlin, M.M., Ferguson, H.K., Moghadam, D., Sakhrani, R.G., and Danzmann Brendan, F. 2010. Growth-related quantitative trait loci in domestic and wild rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) *BMC Genetics* 11: 63-77.
34. Yeh, F.C., Yang, R.C., and Boyle, T. 1999. POPGENE, Version 1.31: Microsoft Window-Based Free Ware for Population Genetic Analysis. <http://www.ualberta.ca/~fyeh>.
35. Yoshida, G.M., Yanez, J.M., de Oliveira, C.A.L., Ribeiro, R.P., Lhorente, J.P., and de Queiroz, S.A. 2018. Mate selection allows changing the genetic variability of the progeny while optimizing genetic response and controlling inbreeding. *Aquaculture*. 495: 409-414.
36. Zhao, N., Ai, W., Shao, Z., Zhu, B., Brosse, S., and Chang, J. 2005. Microsatellite assessment of Chinese sturgeon (*Acipenser sinensis*) genetic variability. *J. Appl. Ichthyol.* 21: 7-13.