مقاله علمی – پژوهشی:

مطالعه تنوع ژنتیک پیش‌مولدین ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان (*Oncorhynchus mykiss*) پرورشی مزارع منتخب استان آذربایجان غربی با استفاده از روش ریزماهواره

سلطنت نجار لشگری*[۱]، محمد پورکاظمی[۲]، سجاد نظری[۳]، ابوالفضل سپهداری[۲]، رقیه محمودی[۳]

*se_lashgari@yahoo.com

۱- مرکز تحقیقات ماهیان سردآبی، مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تنکابن، ایران.

۲- مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران.

۳- 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: شهریور ۱۳۹۹ تاریخ پذیرش: شهریور ۱٤۰۰

چکیده

با توجه به اهمیت ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیک جمعیت در مدیریت و انتخاب کارا ترین مولدین برای تکثیر، تنوع ژنتیک پیش‌مولدین ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان (*Oncorhynchus mykiss*) پرورشی مزارع منتخب استان آذربایجان غربی (۱، ۲ و ۳) با استفاده از هفت جفت آغازگر ریزماهواره مورد مطالعه قرار گرفت. بدین منظور از ۵۰ عدد پیش مولد هر مزرعه نمونه برداری و DNA ژنومی با استفاده از روش استات آمونیوم استخراج گردید. برای مشاهده آلل‌ها و تعیین اندازه آنها از الکتروفورز عمودی ژل پلی‌اکریل‌آمید ۶٪ و رنگ-آمیزی نیترات نقره استفاده شد. محاسبات مربوطه با استفاده از نرم‌افزارهای Excel، INTAS GEL DOC و Pop Gene صورت پذیرفت. بر اساس نتایج، بیشترین تعداد آلل واقعی (۷/۷۱) و مقدار هتروزایگوسیتی مشاهده شده (۰/۱۲±۰/۴۶) در ماهیان مزرعه (۳) و کمترین تعداد آلل واقعی (۰/۰۱±۵/۲۹) و مقدار هتروزایگوسیتی مشاهده شده (۰/۰۸±۰/۳۴) در ماهیان مزرعه (۲) مشاهده شد. بیشترین میزان فاصله ژنتیک (۰/۰۷) و کمترین میزان شباهت ژنتیک (۰/۹۳) بین ماهیان مزارع (۳ و ۲) و کمترین میزان فاصله ژنتیک (۰/۰۲) و بیشترین میزان شباهت ژنتیک (۰/۹۸) بین ماهیان مزارع (۲ و ۱) محاسبه شد. بیشترین مقدار تمایز ژنتیک (۰/۰۷۷) بین ماهیان مزارع (۳ و ۱) و کمترین مقدار آن (۰/۰۳۴) بین ماهیان مزارع (۲ و ۱) به‌دست آمد. نتایج آنالیز واریانس مولکولی نشان‌دهنده ی وجود اختلاف تنوع ژنتیک معنی‌دار بین ماهیان مزارع مورد مطالعه بود (p<۰/۰۰۱). نتایج حاصل از آزمون FST نشان داد که تمایز ژنتیک بین جمعیت‌های پرورشی موجود در این مطالعه در سطح متوسطی قرار داشت که بیانگر جابجایی مولدین بین جمعیت‌های مختلف در گذشته نزدیک یا استفاده از یک جمعیت مرجع و مولدین با ذخیره ژنی مشابه در یک دوره تکثیر مشخص در بین مزارع مورد مطالعه می‌باشد. یافته‌های این مطالعه بیان می‌کند که احتمالاً اختلاط بالای جمعیت‌ها با یکدیگر و عواملی چون به‌گزینی و سیاست‌های جاری هر مزرعه منجر به کاهش تنوع ژنتیک و تمایز بین جمعیت‌ها شده است. نتایج این مطالعه می‌تواند در راستای مدیریت ذخایر پرورشی و برنامه‌های اصلاح‌نژادی این گونه مهم تجاری مورد استفاده قرار گیرد.

لغات کلیدی: تنوع ژنتیک، قزل‌آلای رنگین‌کمان، مزارع منتخب، استان آذربایجان غربی، ریزماهواره

*نویسنده مسئول

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]
[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]

مقدمه

گونه اصلی پرورشی ماهیان سردآبی ایران قزل‌آلای رنگین‌کمان است که تولید آن سالیانه رو به افزایش است. تولید و پرورش جهانی آن در آبهای داخلی و شیرین در سال ۲۰۱۸، ۶۶۴/۸۵۴ تن بوده که سهم ایران از آن ۲۶ درصد است. در واقع ایران بزرگترین تولیدکننده قزل‌آلای پرورشی آبهای داخلی، در بین ۷۷ کشور دیگر تولید - کننده در جهان است (FAO, 2018). این محصول به دلیل سهولت پرورش و دو دیدگاه امنیت غذایی جامعه و اقتصادی، دارای اهمیت م باشد. پایداری صنعت پرورش ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان در بلند مدت در گرو بهبود شرایط محیطی پرورش از یک سو و تأمین ذخایر اصلاح نژاد شده این گونه از سوی دیگر خواهد بود. کاهش تنوع ژنتیک برای جمعیت‌ها زیان بار است و بر میزان برداشت آنها تأثیرگذار می‌باشد (لالویی و همکاران، ۱۳۸۷). همچنین تنوع ژنتیک، قابلیت بقاء یک گونه یا جمعیت را از طریق ایجاد توانایی سازگاری با تغییرات محیطی فراهم کرده و برای بقاء طولانی‌مدت آن گونه ضروری است (Bataillon *et al.*, 1996). مدیریت تنوع ژنتیک در موجودات نیازمند ارزیابی ساختار ژنتیک و تفکیک ذخایر گونه مورد نظر است (Pujolar *et al.*, 2009).

امروزه فن‌آوری‌های متکی بر PCR جهت بررسی و شناسایی ژنوتیپ گونه‌ها و جمعیت‌های مختلف به‌کار می- روند (Ovenden and White, 1990; Rexroad *et al.*, 2005). ریزماهواره‌ها از جمله مهمترین نشانگرهای مولکولی هستند که به‌طور گسترده‌ای در ژنوم موجودات زنده پراکنده شده‌اند (Chistiakov *et al.*, 2006). این نشانگرها یک گروه از جایگاه‌های DNA هسته‌ای و شامل توالی‌های تکراری پشت سر هم هستند و از ۶-۲ جفت باز تشکیل شده‌اند. ریزماهواره‌ها به دلیل داشتن سطوح بالای چندشکلی، اندازه نسبتاً کوچک و روش‌های تشخیصی سریع به‌طور گسترده ای برای مطالعه ژنتیک جمعیت‌های نزدیک به هم (Gerlach *et al.*, 2001)، تشخیص ذخایر ژنتیک، انتخاب مولدین، بازسازی نقشه‌های خویشاوندی متراکم در برنامه‌های تولیدمثلی و اصلاح نژادی به‌کار می- روند (Chistiakov *et al.*, 2006).

مطالعات مولکولی متعددی در زمینه تنوع ژنتیک ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان در کشور انجام شده است. حسن- ساجدی (۱۳۷۸) با استفاده از تکنیک PCR-RFLP و ۱۲ آنزیم برشگر، تنوع نوکلئوتیدی و هاپلوتیپی جمعیت‌های مربوط به مولدین قزل‌آلای مناطق کلاردشت و کرج را مورد بررسی قرار داد و نتایج حاصل اختلاف معنی‌داری را نشان ندادند. علیپور و همکاران (۱۳۹۱ و ۱۳۹۲) در دو مطالعه جداگانه به ارزیابی ساختار ژنتیک قزل‌آلای رنگین کمان پرورشی اسپانیایی و آمریکایی و مقایسه تنوع ژنتیک جمعیت قزل‌آلای رنگین‌کمان پرورشی استان لرستان و وارداتی از فرانسه پرداختند و تنوع ژنتیک نسبتاً مناسبی در جمعیت‌ها گزارش نمودند. محمودی و همکاران (۱۳۹۲) در مطالعه‌ای مشابه به بررسی تفاوت ژنتیک قزل‌آلای پرورش یافته در ایران و وارداتی از فرانسه با استفاده از ریزماهواره‌ها پرداختند و تمایز ژنتیک معنی‌داری را بین ذخیره ایرانی و جمعیت وارداتی از فرانسه گزارش نمودند. با توجه به ارزش اقتصادی بالای قزل‌آلای رنگین‌کمان در صنعت آبزی- پروری ایران و وجود جمعیت‌های مختلف پرورشی، ضرورت آگاهی از میزان تنوع ژنتیک هر جمعیت به‌منظور بهره‌برداری از آنها در برنامه‌های تکثیر، پرورش، به‌گزینی و اصلاح نژاد محسوس می‌باشد. لذا این مطالعه به منظور بررسی تنوع ژنتیک پیش‌مولدین ماهی قزل‌آلای رنگین- کمان پرورشی مزارع منتخب استان آذربایجان غربی با استفاده از روش ریزماهواره انجام شد.

مواد و روش کار

با توجه به وسعت پرورش ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان در کشور و نیز محدودیت‌های موجود، ۳ مزرعه در استان آذربایجان غربی که به‌منظور حفظ حقوق صاحبان آنها در این مطالعه، مزرعه ۱، ۲ و ۳ نامیده می‌شوند پس از تأیید سازمان دامپزشکی کشور و سازمان شیلات ایران از بین سایر مزارع این استان به منظور مطالعه تنوع ژنتیک پیش‌مولدین قزل‌آلای رنگین‌کمان انتخاب شدند. از آنجا که هر یک از این مزارع طی سالهای مختلف تخم چشم- زده را از سایر کشورها وارد نمودند. ذخایر ماهیان هر کدام

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]

از آنها به دلیل عدم ثبت دقیق اطلاعات مرتبط با اختلاط آنها یک گله تلقی می‌شوند. میزان ۵-۳ گرم از بافت نرم انتهای باله دمی ۵۰ عدد از پیش مولدین علامتگذاری شده هر مزرعه پرورشی جداسازی و در میکروتیوب‌های ۵ میلی‌لیتری حاوی الکل اتانول ۹۶° تثبیت (Barber *et al.*, 2000) و برای انجام آزمایش‌های مولکولی به آزمایشگاه ژنتیک مرکز تحقیقات ماهیان سردآبی کشور- تنکابن منتقل گردید. استخراج DNA ژنومی با استفاده از روش استات آمونیوم (McQuown *et al.*, 2000)، ارزیابی کیفیت DNAهای استخراج شده با استفاده از الکتروفورز افقی ژل آگارز ۱٪ و تعیین کمیت دقیق DNAهای استخراج شده با استفاده از دستگاه اسپکتروفتومتر UV/VIS (پیکودراپ) در طول موج‌های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر انجام شد و از ۷ جفت آغازگر ریز- ماهواره که دارای فراوانی آللی بیشتری در مطالعات پیشین بودند و تنوع جمعیت‌ها را به‌خوبی نشان داده بودند (Palti *et al.*, 2002) برای بررسی تنوع ژنتیک جمعیت‌های مورد مطالعه استفاده شد (جدول ۱).

جدول ۱: جایگاه‌ها، توالی‌ها، دمای اتصال و کد دستیابی آغازگرها

Table 1: Locations, sequences, annealing temperature and access code of primers

ردیف	جایگاه	توالی	دمای اتصال	کد دستیابی در GenBank
۱	OMM1304	ATAGATGTAAAGACAGAGCGAGAC GCAGAGAGGAAATCGGTGA	54	G73544
۲	OMM1305	AATTGGCACCCTCTCGTCTG AAACAGGGAGTGTGGCACAAA	58	G73545
۳	OMM1308	GCTCTGGTTCAAGTTGGTTTG CATTCGGTCATAGCCTACA	54	G73548
۴	OMM1311	CCCAGTGCCACTCAAGTTCA GTGCAGAGAAAGCCACGATTA	54	G73551
۵	OMM1316	TTCGGAGGGAGACAGTTGTCA CACCCCAGAGGAAATTAGAC	58	G73555
۶	OMM1318	TGATCCACTCATCCAACCACC GAACGCAGCTCGCACAATA	58	G73557
۷	OMM1322	GCGCTCCTTTCATCTCTGATACAG GGTGAATACTTTCGCAAGCC	58	G73560

جهت انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز، مقدار ۰/۷۵ میکرولیتر $MgCl_2$ (۱/۵ mM)، ۰/۴میکرولیتر DNA ژنومی (۱۰۰ ng)، یک میکرولیتر از هر آغازگر (۱/۲ nM)، ۰/۲۵میکرولیتر آنزیم تک DNA پلیمراز (۱ u)، بافر PCR (10X) و ۰/۲۵میکرولیتر dNTPs (۰/۱ mM) با اضافه نمودن آب مقطر دو بار تقطیر[1] به حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر رسانده شدند. چرخه دمایی برای هر جایگاه ژنی شامل واسرشته‌سازی[2] اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد (یک چرخه)، واسرشته‌سازی در دمای ۹۴ درجه سانتی- گراد (۳۰ چرخه)، الحاق در دامنه دمایی ۵۸-۴۸ درجه سانتی‌گراد (۳۰ چرخه) و بسط در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه (۱ چرخه) بود. محصولات PCR به وسیله الکتروفورز عمودی (ساخت شرکت آتیه- طب ایرانیان) و ژل پلی‌اکریل‌آمید ۶ درصد، ارزیابی و جهت نمایان شدن باندهای DNA با استفاده از روش نیترات نقره رنگ‌آمیزی شدند (Bassam *et al.*, 1991). در نهایت برای مشاهده باندها از دستگاه مستندساز ژل (مدل Gel Stick touch ساخت شرکت Intas آمریکا) استفاده گردید. پس از ثبت و ذخیره شدن تصاویر ژل پلی‌اکریل‌آمید توسط دستگاه مستندساز ژل، وزن مولکولی باندهای محصول PCR، محاسبه تعداد و اندازه آلل‌ها و تعیین انواع آنها و نیز تعیین ژنوتیپ‌ها با استفاده از نرم- افزار INTAS GEL DOC Ver. 0.2.14.0 انجام

1- DDW

2 - Denaturation

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]

پذیرفت و در هر ژنوتیپ وجود یک باند به منزله هموزایگوسیتی و مشاهده دو باند به منزله هتروزایگوسیتی منظور گردید. برای ورود داده‌ها و ردیف کردن باندها از نرم افزار Excel، جهت امتیازدهی باندهای DNA، محاسبه تعداد باندها، تعداد جایگاه‌های چندشکلی و درصد آنها، تعداد آلل واقعی (N_A) و مؤثر (N_E) برای هر جایگاه، هتروزایگوسیتی مشاهده شده (H_O) و مورد انتظار (H_E) از نرم‌افزار Pop Gene (Yeh *et al.*, 1999) و برای محاسبه مقادیر F_{ST} بر اساس آنالیز واریانس مولکولی، ماتریس شباهت و فاصله ژنتیک بر اساس (Nei, 1972; 1978) و تعادل هاردی-واینبرگ در تمامی گله‌ها و جایگاه‌های مورد مطالعه از آزمون مربع کای (χ^2) نرم-افزار GeneAlex (Peakall and Smouse, 2005) استفاده گردید.

نتایج

هفت جفت آغازگر استفاده شده پس از انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز باندهای چند شکلی تولید نمودند (جدول ۲). بیشترین تعداد آلل مشاهده شده (۱۳) در جایگاه OMM1308 با محدوده باندی ۳۱۷-۲۲۷ و کمترین تعداد آن (۶) در جایگاه OMM1304 با محدوده باندی (۲۳۰-۲۱۰) مشاهده شد. همچنین بهترین درجه حرارت برای پهلوگیری آغازگرها بین ۵۷-۴۸ درجه سانتی‌گراد بود. در بررسی تعادل هاردی- واینبرگ (H-W) همه جایگاه‌ها خارج از تعادل بودند ($p<0/001$). از نظر جایگاه، بیشترین تعداد آلل واقعی (۱۲) در جایگاه OMM1322 و کمترین تعداد آن (۱) در جایگاه OMM1308 و از نظر مزرعه، بیشترین تعداد آلل واقعی (۷/۰±۷۱/۰۰) در مزرعه (۳) و کمترین تعداد آن (۵/۰±۲۹/۰۱) در مزرعه (۲) مشاهده شد. میانگین هتروزایگوسیتی مشاهده شده (H_O) و مورد انتظار (H_E) در جایگاه‌ها و مزارع مورد مطالعه نشان داد که از نظر جایگاه، بیشترین مقدار هتروزایگوسیتی مشاهده شده (۰/۷۸) در جایگاه OMM1304 و کمترین مقدار آن (۰/۲۷) در جایگاه OMM1308 و از نظر مزرعه، بیشترین مقدار هتروزایگوسیتی مشاهده شده (۰/۱۲±۰/۴۶) در مزرعه (۳) و کمترین مقدار آن در مزرعه شماره (۲) (۰/۰±۳۴/۰۸) مشاهده شد. همچنین محاسبه ضریب افت هتروزایگوسیتی نشان داد که در مزرعه (۲) مقدار هتروزایگوسیتی مشاهده شده نسبت به هتروزایگوسیتی مورد انتظار کمتر بود (جدول ۳).

جدول ۲: محدوده باندی، دمای اتصال و تعداد آلل‌های مشاهده شده در جایگاه‌های چندشکلی ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان

Table 2: Band range, annealing temperature and number of alleles observed in rainbow trout polymorphic sites

ردیف	نام جایگاه	محدوده باندی (bp)	دمای اتصال (°c)	تعداد آلل مشاهده شده
۱	OMM1304	۲۳۰-۲۱۰	۵۵	۶
۲	OMM1305	۲۷۹-۱۸۹	۵۶	۸
۳	OMM1308	۳۱۷-۲۲۷	۵۰	۱۳
۴	OMM1311	۲۳۹-۲۱۹	۵۵	۸
۵	OMM1316	۳۷۶-۲۳۲	۵۲	۱۱
۶	OMM1318	۱۸۲-۱۵۸	۵۷	۷
۷	OMM1322	۲۳۰-۱۶۲	۴۸	۱۲

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]

جدول ۳: میانگین± انحراف معیار تعداد آلل واقعی و مؤثر و مقدار هتروزایگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار در جایگاه‌های چندشکلی و مزارع مورد مطالعه

Table 3: Mean standard deviation of the number of real and effective alleles and the amount of observed and expected heterozygosity in polymorphic sites and studied farms

مزرعه	متغیر	OMM1304	OMM1305	OMM1308	OMM1311	OMM1316	OMM1318	OMM1322	کل
۱	N_A	۳	۶	۱	۷	۱۰	۶	۱۲	۶/۴۳±۰/۰۱
	N_E	۱/۶۳	۴/۲۹	۰/۷۱	۶/۱۲	۵/۸۴	۵/۶۰	۱۱/۰۹	۵/۰۴±۰/۰۰
	H_O	۰/۴۶	۰/۳۹	۰/۲۷	۰/۴۲	۰/۲۸	۰/۴۱	۰/۲۹	۰/۳۶±۰/۱۰
	H_E	۰/۴۵	۰/۳۷	۰/۲۶	۰/۴۰	۰/۲۶	۰/۳۸	۰/۲۷	۰/۳۴±۰/۱۱
۲	N_A	۲	۴	۱	۶	۹	۵	۱۰	۵/۲۹±۰/۰۱
	N_E	۱/۷۶	۱/۷۸	۰/۶۸	۳/۲۷	۸/۱۹	۴/۴۹	۶/۱۴	۳/۷۶±۰/۰۱
	H_O	۰/۴۴	۰/۳۸	۰/۲۷	۰/۳۹	۰/۲۵	۰/۴۰	۰/۲۹	۰/۳۴±۰/۰۸
	H_E	۰/۴۸	۰/۳۹	۰/۲۷	۰/۴۰	۰/۲۷	۰/۳۸	۰/۳۰	۰/۳۵±۰/۰۹
۳	N_A	۸	۹	۲	۷	۱۱	۷	۱۲	۷/۷۱±۰/۰۰
	N_E	۷/۳۴	۸/۵۹	۱/۰۳	۵/۴۶	۹/۵۱	۶/۱۱	۱۱/۶۷	۷/۱۰±۰/۰۰
	H_O	۰/۷۸	۰/۴۴	۰/۳۸	۰/۴۶	۰/۳۶	۰/۴۱	۰/۴۳	۰/۴۶±۰/۱۲
	H_E	۰/۶۱	۰/۴۳	۰/۳۷	۰/۴۵	۰/۳۵	۰/۴۱	۰/۴۲	۰/۴۳±۰/۱۱

بیشترین میزان فاصله ژنتیک (۰/۰۷) و کمترین میزان شباهت ژنتیک (۰/۹۳) بین ماهیان مزارع (۱و ۳) و کمترین میزان فاصله ژنتیک (۰/۰۲) و بیشترین میزان شباهت ژنتیک (۰/۹۸) بین ماهیان مزارع (۲ و ۱) محاسبه شد (جدول ۴).

جدول ۴: میزان فاصله و شباهت ژنتیک ماهیان قزل‌آلای رنگین‌کمان مزارع مورد مطالعه

Table 4: The distance and genetic similarity of rainbow trout in the studied farms

مزرعه	۱	۲	۳
۱	۰	۰/۹۸	۰/۹۳
۲	۰/۰۲	۰	۰/۹۶
۳	۰/۰۷	۰/۰۴	۰

اعداد پایین قطر نشان‌دهنده فاصله ژنتیک و اعداد بالای قطر نشان‌دهنده شباهت ژنتیک می‌باشند.

Low diameter numbers indicate genetic distance and high diameter numbers indicate genetic similarity

بیشترین مقدار تمایز ژنتیک (۰/۰۷۷) بین ماهیان مزارع (۳ و ۱) و کمترین مقدار آن (۰/۰۳۴) بین ماهیان مزارع (۲ و ۱) محاسبه شد (جدول ۵) و از نظر تمایز ژنتیک بین جمعیت‌ها اختلاف معنی‌دار وجود داشت (p<۰/۰۰۱).

جدول ۵: میزان تمایز ژنتیک ماهیان قزل‌آلای رنگین‌کمان مزارع مورد مطالعه

Table 5: The degree of Genetic differentiation of rainbow trout in the studied farms

مزرعه	۱	۲	۳
۱	۰		
۲	۰/۰۳۴	۰	
۳	۰/۰۷۷*	۰/۰۴۱	۰

از ضریب تصحیح بونفرونی در سطح آلفا (۰/۰۵) استفاده شد.

Bonferroni correction coefficient was used at alpha level (0.05).

بر اساس نتایج حاصل از آنالیز واریانس مولکولی میزان تنوع ژنتیک داخل افراد جمعیت‌ها ۸۲/۱، بین افراد داخل جمعیت‌ها ۱۲/۶ و بین جمعیت‌ها ۵/۳ درصد به دست آمد (جدول ۶) و اختلاف تنوع ژنتیک بین جمعیت‌ها معنی‌دار بود (p<۰/۰۰۱).

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]

جدول ۶: میزان تنوع ژنتیک بین جمعیت‌ها، بین افراد داخل جمعیت‌ها و داخل افراد

Table 6: The extent of genetic diversity between populations, between individuals within populations, and within individuals

منبع تغییرات	جمع مجذورات	اجزای واریانس	درصد
بین جمعیت‌ها	۹۶/۹۹۹	۰/۱۴۵	۵/۳
بین افراد داخل جمعیت‌ها	۱۲۷۹/۳۰۸	۰/۷۴۳	۱۲/۶
داخل افراد	۱۰۲۸/۵۰۰	۵/۰۴۲	۸۲/۱
	۲۴۰۴/۸۰۶	۵/۹۲۹	۱۰۰

بحث

در این مطالعه جهت بررسی تنوع ژنتیک جمعیت‌های پیش مولدین قزل‌آلای رنگین‌کمان پرورشی از نشانگرهای ریزماهواره استفاده شد که به‌طور گسترده در مطالعات ژنتیک جمعیت گونه های ماهیان پرورشی استفاده شده است (Liu *et al.*, 2009). در بررسی‌های تنوع ژنتیک، غنای آللی از اهمیت بالایی برخوردار است؛ زیرا بالا بودن غنای آللی نشان‌دهنده ی بالا بودن اندازه مؤثر جمعیت است و استفاده از آن برای ارزیابی تنوع ژنتیک جمعیت-هایی که برای برنامه های به‌گزینی یا حفاظت انتخاب شده‌اند، مناسب‌تر است (Duong and Scribner, 2018). تعداد آلل واقعی (N_A) و مؤثر (N_E) معیاری جهت تعیین مقدار چندشکلی جایگاه‌ها می‌باشند (Thai *et al.*, 2006). در این مطالعه نیز هر ۷ جفت آغازگر ریزماهواره مورد استفاده در ارزیابی تنوع ژنتیک پیش‌مولدین قزل-آلای رنگین‌کمان مزارع منتخب استان آذربایجان غربی باندهای چند شکلی تولید نمودند و بیشترین تعداد آلل واقعی در ماهیان مزرعه شماره ۳ مشاهده شد. بالا بودن ارتباطات ژنتیک (Horreo *et al.*, 2008) و تبادلات ژنتیک (Jug *et al.*, 2005) سبب کاهش تعداد آلل‌های اختصاصی می‌شود. در مقابل بالاتر بودن آلل اختصاصی و تراز بالای چندشکلی می‌تواند ناشی از پویایی ژنتیک باشد (Hassanien *et al.*, 2004). بنابراین تعداد بیشتر آلل-های اختصاصی در پیش‌مولدین قزل‌آلای رنگین‌کمان مزرعه شماره ۳ بیانگر پویایی ژنتیک و بالا بودن اندازه مؤثر جمعیت آنها نسبت به جمعیت‌های دیگر است. همچنین پایین بودن تعداد آلل مشاهده شده در برخی از جایگاه‌ها، می‌تواند متأثر از محدودیت مهاجرت‌ها (جریان ژنی) و آمیزش‌های خویشاوندی باشد (Knudsen *et al.*, 2002; Prodohl *et al.*, 2019).

هتروزایگوسیتی اختلافات ژنتیک بسیاری از جایگاه‌ها را در یک جمعیت نشان می دهد و معمول‌ترین معیار تنوع ژنی در یک جمعیت می‌باشد (Fei *et al.*, 2007). در این مطالعه بیشترین مقدار هتروزایگوسیتی، در ماهیان مزرعه شماره ۳ مشاهده شد. محاسبه ضریب افت هتروزایگوسیتی نشان می‌دهد که در ماهیان مزرعه شماره ۲، مقدار هتروزایگوسیتی مشاهده شده نسبت به هتروزایگوسیتی مورد انتظار کمتر بود. کاهش هتروزایگوسیتی مشاهده شده نسبت به هتروزایگوسیتی مورد انتظار نشان‌دهنده ی کاهش در تغییر پذیری ژنتیک نمونه‌ها است و علت این کاهش، تنگناهای ژنتیک می-باشند که احتمالاً بر اثر شرایط زیست‌محیطی و آمیزش-های خویشاوندی به‌وجود آمده و در نتیجه با گذشت زمان موجب کاهش آلل و کاهش هتروزایگوسیتی در ذخایر می‌شوند (Narum *et al.*, 2004).

در بررسی ساختار ژنتیک قزل‌آلای رنگین‌کمان پرورشی اسپانیایی و آمریکایی با استفاده از ۴ جایگاه ریزماهواره میزان متوسط کل هتروزایگوسیتی مشاهده شده و تعداد متوسط کل آلل های مشاهده شده به‌ترتیب ۰/۶۱۲ و ۱۱/۲۵ به‌دست آمد و اعلام گردید اگر چه تنوع ژنتیکی قابل توجهی درون دو جمعیت اسپانیایی و آمریکایی وجود دارد، اما این دو جمعیت بسیار شبیه به یکدیگر بودند و تمایز ژنتیک اندکی را نشان دادند (علیپور و همکاران، ۱۳۹۱). در ارزیابی مقایسه‌ای تنوع ژنتیک مولدین دو جمعیت قزل‌آلای رنگین‌کمان پرورشی استان لرستان و وارداتی از فرانسه با استفاده از ۴ جایگاه ریزماهواره، میزان

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]

هتروزایگوسیتی مشاهده شده و تعداد متوسط آلل در جمعیت قزل‌آلای لرستان به‌ترتیب ۰/۵۹۱ و ۱۰/۷۵ و در جمعیت قزل‌آلای فرانسوی به‌ترتیب ۰/۵۶۶ و ۱۰ گزارش شد (علیپور و همکاران، ۱۳۹۲). میانگین هتروزایگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده در دو جمعیت قزل‌آلای رنگین‌کمان پرورشی بومی شده در ایران و فرانسوی به ترتیب ۰/۶۸ و ۰/۵۳ و نیز ۰/۷۱ و ۰/۶۱ بود و تمایز ژنتیک معنی‌داری بین ذخیره ایرانی و جمعیت وارداتی از فرانسه مشاهده گردید (محمودی و همکاران، ۱۳۹۲). مقدار هتروزایگوسیتی مشاهده شده قزل‌آلای رنگین‌کمان در سه مزرعه پرورشی کشور با استفاده از هشت جایگاه ریزماهواره بین ۰/۸۶۹ تا ۰/۹۱۶ گزارش شد (گرجی‌پور و نظری، ۱۳۹۲). مقایسه میزان هتروزایگوسیتی ماهیان قزل‌آلای پرورشی موجود در مزارع منتخب این مطالعه با سایر تحقیقات مشابه، نشان‌دهنده کاهش هتروزایگوسیتی در برخی موارد و یا افزایش هموزایگوسیتی به خصوص در مزارع ۱ و ۲ است. کاهش هتروزایگوسیتی می‌تواند ناشی از پدیده درون‌آمیزی، تنگنای جمعیتی، جمع‌آوری نمونه از خویشاوندان و اندازه کوچک جمعیت باشد (محمودی و همکاران، ۱۳۹۲). آمیزش غیر اصولی و بی‌برنامه مولدین در سالهای قبل نیز می‌تواند دلیل دیگری برای کاهش هتروزایگوسیتی و تعداد آلل‌ها در مزارع منتخب باشد.

میزان تمایز ژنتیک بین نمونه‌های مزارع مورد مطالعه با بررسی شاخص های F_{ST} ارزیابی گردید. بیشترین مقدار تمایز ژنتیک (۰/۰۷۷) بین ماهیان مزارع (۳ و ۱) و کمترین مقدار آن (۰/۰۳۴) بین ماهیان مزارع (۲ و ۱) به‌دست آمد. مقدار F_{ST} همیشه مثبت و بین عدد صفر (هیچ زیرجمعیتی وجود ندارد) و یک (وجود زیرجمعیت و جدایی کامل جمعیت‌ها) متغیر است. مقادیر F_{ST}، ۰/۰۵- ۰، ۰/۱۵- ۰/۰۵، ۰/۲۵- ۰/۱۵ به‌ترتیب نشان‌دهنده ی سطح پایین، متوسط و بالای تمایز ژنتیک است. (Colihueque *et al.*, 2019). فاکتور F_{ST} به‌طور مستقیم یا غیر مستقیم با میزان جریان ژنی یا تعداد مهاجرت مؤثر (N_M) میان جمعیت‌ها ارتباط دارند. هر چه میزان جریان ژنی بین دو منطقه بیشتر باشد بیانگر آن است که مهاجرت بین مناطق بیشتر و اختلاف ژنتیک کمتر است (Rousset, 2004). وجود اختلاف ژنتیک درون و بین جمعیت‌های گونه‌های مختلف، تحت تأثیر عوامل مختلفی چون تاریخچه مشترک، جدایی جغرافیایی، جریان ژنی حال و گذشته و همینطور فرآیندهای مختص جمعیت مانند رانش ژنتیک و انتخاب انطباقی قرار دارد (Li *et al.*, 2007; Dorak, 2014). در این مطالعه تأثیر عوامل برهم‌زننده تعادل مانند اثر والاند، جفت‌گیری غیرتصادفی و تکامل غیر هم جهتی آنها، نسبت نابرابر جنسی در تکثیر مصنوعی و عدم وجود شانس یکسان برای حضور همه نتاج در تکثیر و پرورش این جمعیت‌ها در کاهش تمایز مؤثر بوده است. در سایر گزارش‌ها و تحقیقات مشابه نیز نرخ بالای جهش، افزایش تنوع درون جمعیتی و وجود جریان ژنی بالا بین جمعیت‌ها از جمله دلایل مهم تمایز اندک بین جمعیت‌ها مطرح شده است.

در مطالعات پیشین بر روی ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان پرورشی تمایز ژنتیک پایین و غیر معنی‌دار معادل ۰/۰۱۲ (علیپور و همکاران، ۱۳۹۱) و ۰/۰۱۷ (علیپور و همکاران، ۱۳۹۲)، تمایز ژنتیک متوسط ۰/۰۵۸ (محمودی و همکاران، ۱۳۹۲) و ۰/۰۸۹ (Silverstein *et al.*, 2004) محاسبه گردید. میزان تمایز ژنتیک در اکثر موارد کمتر از یک مشاهده شد زیرا چند شکلی ناشی از جهش به‌طور مؤثری میزان F_{ST} را کاهش می دهد. پایین بودن شاخص F_{ST} در بین مزارع ۱ و ۲ نشان‌دهنده ی وجود جریان ژنی قابل توجه است. وجود تمایز ژنتیک متوسط بین ماهیان مزارع ۱ و ۳ را می‌توان به وجود تعداد آلل‌های بیشتر در جمعیت‌های این مزارع نسبت داد. تفاوت در منشأ اولیه این جمعیت‌ها، ورود تخم‌های چشم‌زده از سایر مراکز تکثیر و مولدگیری از آنها طی سال‌های متمادی، فروش بخشی از تخم چشم‌زده در هر فصل تکثیر به سایر مزارع، کاهش تنوع در جمعیت نتاج و بالا بودن میزان درون-آمیزی در جمعیت مزرعه ۱ نسبت به جمعیت مزرعه ۳ می‌توانند از دلایل عمده این اختلاف ژنتیک باشند.

جمعیت‌های مورد مطالعه در تمام جایگاه‌های مورد بررسی انحراف معنی‌داری (در سطوح معنی‌داری ۰/۰۱ و ۰/۰۰۱) از تعادل هاردی-واینبرگ را نشان دادند. به‌طور کلی یک عامل به‌تنهایی نمی‌تواند علت انحراف از تعادل را توضیح

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]

دهد و مجموعه‌ای از عوامل فوق که بیشتر ناشی از تکثیر مصنوعی هستند را می‌توان به‌عنوان دلایل انحراف از تعادل در جمعیت‌های مورد مطالعه مطرح کرد. به دلیل اعمال برنامه‌های تکثیر مصنوعی در گله‌های مورد مطالعه، به‌گزینی می‌تواند عامل اصلی انحراف از تعادل هاردی-واینبرگ در این جمعیت‌ها معرفی شود.

نتایج حاصل از آنالیز واریانس مولکولی در مطالعه حاضر نشان داد که بیشترین میزان تنوع ژنتیک داخل افراد جمعیتها وجود دارد و این احتمال که تمایز بین گروه‌های مختلف پرورشی در اثر جابجایی و یا بدون اعمال کنترل و مدیریت بر ذخایر مولدین پرورشی و همچنین سیاست‌های جاری هر مزرعه تکثیر و پرورش کاهش یا از بین رفته باشد، شدت می‌یابد.

نتایج این مطالعه نشان داد اگر چه تنوع در سطح درون جمعیتی هر جمعیت بالاست، اما احتمالاً جابجایی مولدین، پیش‌مولدین و بچه‌ماهیان بین مزارع به‌خصوص مزارع ۱ و ۲، به‌گزینی و تکثیر غیر تصادفی منجر به گسترش تعداد محدودی از آلل‌های مشخص در بین جمعیت‌ها شده است و از آنجا که سازگاری و بقای گونه-ها هنگامی حفظ می شود که تغییرپذیری ژنتیک موجود در آنها از دست نرود و با توجه به متوسط و پایین بودن میزان تمایز ژنتیک بین ماهیان مزارع مورد مطالعه، پیشنهاد می‌گردد که اقدام لازم جهت افزایش اختلاف ژنتیک بین جمعیت‌ها در تولید نسل بعدی در مزارع مورد مطالعه انجام پذیرد و با توجه به بالا بودن میزان تمایز ژنتیک ماهیان مزرعه ۳ توصیه می‌گردد به‌منظور حفظ و ارتقاء تنوع ژنتیک از ماهیان نر و ماده این مزرعه (شماره۳) برای لقاح با ماهیان نر و ماده مزارع ۱ و ۲ استفاده و به‌منظور پرهیز از خویشاوندی بالا از لقاح ماهیان نر و ماده هر مزرعه با هم جلوگیری شود. در نهایت با توجه به اینکه در حال حاضر ماهی قزل‌آلای رنگین-کمان به‌عنوان مهمترین گونه پرورشی سردآبی کشور در حال تکثیر است، لازم است سیاست های مدیریتی به منظور انتخاب تعداد مولدین مناسب و طراحی آمیزش به-منظور افزایش تنوع ژنتیک موجود در مزارع ناشی از آمیزش خویشاوندی و رانش ژنتیک اجرا گردد.

منابع

حسن‌ساجدی، ر.، ۱۳۷۸. بررسی تنوع ژنتیکی در ماهی‌های مولد قزل‌آلای رنگین‌کمان با استفاده از تکنیک PCR-RFLP روی ژنوم میتوکندری. پایان-نامه کارشناسی ارشد بیوشیمی، دانشگاه تربیت مدرس، ۸۹ ص.

علیپور، ا. درافشان، س. و قاسمی، ا.، ۱۳۹۱. ساختار ژنتیکی قزل‌آلای رنگین‌کمان پرورشی (*Oncorhynchus mykiss*) اسپانیایی و آمریکایی. مجله علمی شیلات ایران، ۲۲(۱): ۷۰-۶۱. Doi: 10.22092/ISFJ.2017.110103

علیپور، ا. درافشان، س. و قاسمی، ا.، ۱۳۹۲. ارزیابی مقایسه‌ای تنوع ژنتیکی جمعیت قزل‌آلای رنگین‌کمان (*Oncorhynchus mykiss*) پرورشی استان لرستان و جمعیت وارداتی از فرانسه. نشریه شیلات (منابع طبیعی ایران)، ۶۶ (۲): ۲۰۹-۱۹۹. Doi: 10.22059/jfisheries.2013.35697

گرجی‌پور، ع. و نظری، س.، ۱۳۹۲. بررسی تنوع ژنتیکی ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره در مزارع پرورشی ایران. مجله علمی شیلات ایران، ۲۲(۴): ۱۰۷-۹۳. Dor: 20.1001.1.10261354.1392.22.4.9.4

لالویی، ف، رضوانی گیل‌کلایی، س، فاطمی م، و تقوی م.، ۱۳۸۷. بررسی ژنتیک جمعیت ماهی کپور معمولی حوضه جنوبی دریای خزر با استفاده از RFLP-PCR (mtDNA). مجله علمی شیلات ایران، ۱۷(۲): ۱۰۲-۸۹. Doi: 10.22092/isfj.2008.115323

محمودی، ر. گندمکار، ح. عبدالحی، ح.ع. متین فر، ع. رضوانی گیل‌کلایی، س. و نظری، س.، ۱۳۹۲. تفاوتهای ژنتیکی قزل‌آلای رنگین‌کمان (*Oncorhynchus mykiss*) موجود در ایران و قزل‌آلای وارداتی از فرانسه. مجله علمی شیلات ایران، ۲۳(۱): ۸۵-۷۵. DOI: 10.22092/ISFJ.2017.110164

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]

Barber, P.H. and Erdman, M.V., 2000. Molecular systematic of the Gonodactylidae (stomapoda) using mitochondrial cytochrome oxidase C (submit) DNA sequencing data. Journal of Crustacean Biology 20(2):20-36. Doi: 10.2307/1549480

Bassam, B.J., Caetano- Anolles, G. and Gresshoff, G.M., 1991. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. Annual Biochemistry 196(1):80-83. Doi: 10.1016/0003-2697 (91)90120-I

Bataillon, T.M., David, J.L. and Schoen, D.J., 1996. Neutral genetic markers and conservation: simulated germ plasm collections. Genetics 144(1):409-417. Doi: 10.1093/genetics/144.1.409

Chistiakov, D.A., Hellemans B. and Volckaert, F.A.M., 2006. Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: A review with special reference to fish genetics. Aquaculture 255(1-4):1-29. Doi: 10.1016/j.aquaculture.2005.11.031

Colihueque, N., Estay, F.J., Crespo, J.E., Arriagada, A., Baessolo, L., Canales-Aguirre, C.B., Marín, J. and Carrasco, R., 2019. Genetic Differentiation and Origin of Naturalized Rainbow Trout Populations from Southern Chile, Revealed by the mtDNA Control Region Marker. Front. Genet 10:1212. Doi: 10.3389/fgene.2019.01212

Dorak, M.T., 2014. Basic population genetics. http://www.dorak.Info/genetics/popgen.html.

Duong, T.Y. and Scribner, K.T., 2018. Regional variation in genetic diversity between wild and cultured populations of bighead catfish (*Clarias macrocephalus*) in the Mekong Delta. Fish Research 207:118-125**.** Doi: 10.1016/j.fishres.2018.06.012

Food and Agriculture Organization., 2018. Fishery statistical collections: Consumption of fish and fishery products. Retrived from: http://www.fao.org/fishery/statistics/global-consumption/e.

Fei, C., Wei, Y. and Fu-Ling, Y., 2007. Isolation of DNA microsatellites and preliminary genomic analysis of Mud crab (*Cirrohina moliterolla*). Zoological Research 28 (2):119-125.

Gerlach, G., Schardt, U., Ekmann, R. and Meyer, A., 2001. Kin- structured subpopulations in Eurasian perch (*Perca fluviatilis*). Heredity 86:213-221. Doi: 10.1046/j.1365-2540.2001.00825.x

Hassanien, H.A., Einady, M., Obeida, A. and Itriby, H., 2004. Genetic diversity of Nile tilapia populations revealed by randomly amplified polymorphic DNA (RAPD). Aquaculture Research 35(6):597-593. Doi: 10.1111/j.1365-2109.2004.01057.x

Horreo, J.L., Machado-Schiaffino, G., Griffiths, A., Bright, D., Stevens, J.

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]

and Garcia-Vazquez, E., 2008. Identification of differential broodstock contribution affecting genetic variability in hatchery stocks of Atlantic salmon (*Salmo salar*). Aquaculture 280(1-4):89-93. Doi: 10.1016/j.aquaculture.2008.05.004

Jug, T., Berrebi, P., and Snoj, A., 2005. Distribution of non-native trout in Slovenia and their introgression with native trout populations as observed through microsatellite DNA analysis. Biological Conservation 123:381-388. Doi: 10.1016/j.biocon.2004.11.022

Knudsen, K.L., Muhlfeld, C.C., Sage, G.K. and Leary, R.F., 2002. Genetic steructure of Columbia river drainage, Montana, revealed by microsatellite and allozyme loci. Transactions of the American Fisheries Society 131(6):1093-1105. Doi: 10.1577/1548-8659 (2002)131

Li, D., Kang, D., Yin, Q., Sun, Z. and Liang, L., 2007. Microsatellite DNA marker analysis of genetic diversity in wild common carp (*Cyprinus carpio* L.) populations. Genetics and Genomics 34(11):984-993. Doi: 10.1016/S1673-8527(07)60111-8

Liu, F., Xia, J.H., Bai, Z.H., Fu, J.J., Li, J.L. and Yue, G.H., 2009. High genetic diversity and substantial population differentiation in grass carp (*Ctenopharyngodon idella*) revealed by microsatellite analysis. Aquaculture 297(1-4):51-56. Doi: 10.1016/j.aquaculture.2009.09.008

McQuown, E.C., Sloss, B.L., Sheehan, R.J., Rodzen, J., Tranah, G. and May, B., 2000. Microsatellite and analysis of genetic variation in sturgeon: new sturgeon primer sequences for *scaphirhynchus* and *Acipenser*. Transactions of the American Fisheries society 129(6):1380-1388. Doi: 10.1577/1548-8659 (2000)129<1380: MAOGVI>2.0.CO; 2

Narum, S.R., Contor, C., Talbot, A. and Powell, M.S., 2004. Genetic divergence of sympatric resident and andaromus forms of *Oncorhynchus mykiss* in the Walla Walla River, USA. Journal of Fish Biology 65:471-488. Doi: 10.1111/j.0022-1112.2004.00461.x

Nei, M., 1972. Genetic distance between populations. The American Naturalist, Vol 106(949): pp 283-292. Published By: The University of Chicago Press

Nei, M., 1978. Estimation of average heterozygosity and Genetic distance from a small number of individuals. Genetics 89(3):583-590. Doi: 10.1093/genetics/89.3.583

Ovenden, J.K. and White, R.W.G., 1990. Mitochondrial and Allozyme genetics of incipient in a landlocked population of *Galaxias truttaceus* (Plces: Gglaxidae). Genetics 124(3):701-716. Doi: 10.1093/genetics/124.3.701

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]

Palti, Y., Fincman, R. and Rexroad, I.C.E., 2002. Characterization of 38 polymorphic microsatellite markers for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Molecular Ecology Notes 2(4):449–452. Doi: 10.1046/j.1471-8286.2002.00274.x

Peakall, M. and Smouse, A., 2005. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research, Vol 6(1):288-295. Doi: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x

Prodohl, P.A., Ferguson, A., Bradley, C.R., Ade, R., Roberts, C., Keay, E.J. and Hynes, R., 2019. Impacts of acidification on brown trout *Salmo trutta* populations and the contribution of stocking to population recovery and genetic diversity. Journal of Fish Biology 95(3):719-742. Doi: 10.1111/jfb.14054

Pujolar, J.M., Deleo, G.A., Ciccotti, E. and Zane, L., 2009. Genetic composition of Atlantic and Mediterranean recruits of European eel *Anguilla anguilla* based on EST-linked microsatellite loci. Journal of Fish Biology 74(9):2034-2046. Doi: 10.1111/j.1095-8649.2009.02267.x

Rexroad, C.E., Rodriguez, M.F., Coulbaly, I., Gharbi, K., Danzmann, R.G., Dekoning, J., Phillips, R. and Palti, Y., 2005. Comparative mapping of expressed sequence tags containing microsatellites in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). BMC Genomics 6:54. Doi: 10.1186/1471-2164-6-54

Rousset, F., 2004. Genetic structure and selection in subdivided populations Princeton. Princeton University Press. 288P.

Silverstein, J.T, King, T. and Rexroad, C.E., 2004. Genetic Variation Measured by Microsatellites among Three Strains of Domesticated Rainbow Trout. Aquaculture Research 35(1):40-48. Doi: 10.1111/j.1365-2109.2004.00979.x

Thai, B.T., Pham, T.A. and Austin, G.M., 2006. Genetic diversity of common carp in Vietnam using direct sequencing and SSCP analysis of the mitochondrial DNA control region. Aquaculture 258:228-240. Doi: 10.1016/j.aquaculture.2006.03.025

Yeh, F.C., Boyle, T. and Yang, R.C., 1999. POPGENE Version 1.32: Microsoft Window-Based Freeware for Population Genetics Analysis. University of Alberta, Edmonton.

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]

Study of genetic diversity of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) pre-breeder on farms of West Azerbaijan Province using microsatellite method

Najjar Lashgari S.[1*]; Pourkazemi M.[2]; Nazari S.[3]; Sepahdari A.[2]; Mahmoudi R.[3]

1-Cold-water Fishes Research Center, Iranian Fisheries Sciences Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tonekabon, Iran.

2-Iranian Fisheries Sciences Research Institute (IFSRI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran.

3- Shahid Motahary Cold-water Fishes Genetic and Breeding Research Center, Iranian Fisheries Sciences Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Yasouj, Iran.

Abstract

Considering the importance of evaluating genetic diversity and population structure in managing and selecting the most efficient breeders for reproduction, genetic diversity of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) pre-breeders in selected farms of West Azerbaijan province (farms 1, 2 and 3) was studied using seven pairs of microsatellite primers. For this purpose, 50 pre-breeders of each field were sampled and genomic DNA was extracted using ammonium acetate method. To observe the alleles and determine their size were used vertical electrophoresis of 6% polyacrylamide gel and silver nitrate staining. Relevant calculations were performed using Excel, INTAS GEL DOC and PopGene software. Based on the results, the highest number of real alleles (7.71) and the amount of observed heterozygosity (0.46±0.12) was observed in farm fish of No. 3 and the lowest number of real alleles (5.29±0.01) and the amount observed heterozygosity (0.34±0.08) was observed in farm fish No. 2. The highest genetic distance (0.07) and the lowest genetic similarity (0.93) were calculated between farm fish No. 3 & 1 and the lowest genetic distance (0.02) and the highest genetic similarity (0.98) were calculated between farm fish No. 2 & 1 were calculated. The highest amount of genetic differentiation (0.077) was obtained between farm fish No. 3 & 1 and the lowest amount (0.034) was obtained between farm fish No. 2 & 1. The results of molecular analysis of variance indicate the existence of significant genetic diversity differences between the fish of the studied farms ($p<0.001$). The results of FST test showed that the genetic differentiation between the breeding populations in this study is moderate and was evident the shift of breeders between different populations in the recent past or the use of a reference population and breeders with similar gene storage in propagation season among the studied farms. The findings of this study suggest that high mixing of populations with each other and factors such as selection and current policies of each farm may have led to a reduction in genetic diversity and differentiation between populations. The results of this study can be used to manage breeding stocks and breeding programs of this important commercial species.

Keywords: Genetic diversity, Rainbow trout, Selected farms, West Azerbaijan Province, Microsatellite

[*]Corresponding author

[Downloaded from isfj.ir on 2026-11-10]

[DOR: 20.1001.1.10261354.1401.31.4.3.1]