



دانشگاه آزاد اسلامی واحد لاهیجان
دانشکده علوم پایه
گروه کارشناسی ارشد زیست فناوری دریا

جزوه درسی

آبزی پروری پیشرفته

Advanced Aquaculture

دکتر حسین خارا

عضو هیئت علمی گروه شیلات دانشگاه آزاد اسلامی واحد لاهیجان

۱۳۹۳

منابع

- ۱- کاظمی ، ح . ۱۳۷۷ . اصول ژنتیک . انتشارات عمیدی . ۵۱۲ صفحه .
 - ۲- نیکول، دسموند اس.تی. ۱۳۷۸ . پیش درآمدی بر مهندسی ژنتیک . ترجمه امین لاری ، م . انتشارات دانشگاه شیراز. ۲۱۳ صفحه .
 - ۳- مدر، ک و جینکز ، ج .ال . ۱۳۷۹ . مقدمه ای بر ژنتیک بیومتریک . ترجمه طالعی ، ع . ر . ۲۴۹ صفحه .
 - ۴- بروسال ، ژ و ویو ، پ . ۱۳۷۰ . مسائل و تمرینات ژنتیک . ترجمه خسروشاهی ، م . ؟ . انتشارات پیشتاز علم. ۲۲۷ صفحه .
 - ۵- ویلیامز، جف . ۱۳۸۲ . مهندسی ژنتیک . ترجمه نصیری ، م . ر و ملامحمدقلی ، الف . م . ۱۸۹ صفحه . انتشارات دانشگاه فردوسی مشهد.
 - ۶- خواجه غیائی ، پ . ۱۳۸۲ . مبانی ژنتیک و اصلاح نژاد با تاکید بر ژنتیک کیفی و ژنتیک جمعیت . ۳۵۹ صفحه . انتشارات عالم افروز.
 - ۷- مجد ، الف . راهنمای عملی زیست شناسی سلولی و مولکولی . ۱۳۸۰ . انتشارات دانشگاه اراک . ۲۹۳ صفحه .
 - ۸- مک فرسون ، ام . جی و مولر ، اس . جی . ؟ . PCR ، مبانی و کاربردهای آزمایشگاهی . ترجمه کریمی ، م و زینلی ، س . ۱۳۸۳ . انتشارات اندیشه ظهور . ۳۵۹ صفحه .
 - ۹- هالرمز ، اریک . ۲۰۰۳ . اصول و روشهای مطالعات ژنتیکی ماهیان (جلد اول) . ترجمه هاشم زاده سقرلو ، ایرج . ۱۳۸۴ . انتشارات نقش مهر . ۴۴۸ صفحه .
 - ۱۰- هالرمز ، اریک . ۲۰۰۳ . کاربرد ژنتیک جمعیت در شیلات (جلد دوم) . ترجمه هاشم زاده سقرلو ، ایرج . ۱۳۸۴ . انتشارات نقش مهر . ۱۵۲ صفحه .
 - ۱۱- تاو ، داگلاس . ؟ . مبانی ژنتیک و اصلاح نژاد ماهیان . ترجمه امینی ، فرهاد . انتشارات شرکت سهامی شیلات ایران . ۳۴۴ صفحه .
 - ۱۲- یوسفیان، مهدی . ۱۳۸۸ . مبانی ژنتیک آبزیان . انتشارات موسسه تحقیقات شیلات ایران . ۱۸۱ صفحه .
 - ۱۳- یوسفیان، مهدی . ۱۳۸۹ . ژنتیک ماهی، تعیین جنسیت، تفکیک جنسیت، تمایز جنسی و دستکاری جنسیت . انتشارات دانشگاه ازاد اسلامی واحد قائم شهر . ۲۳۰ صفحه .
- 14- Kirpichnikov, V.S. 1981 .Genetic bases of fish. Springer-Verlag. P412.
- 15 - Smith, P.J. 1994 . Genetic diversity of marine fisheries resources possible impact of fishing. FAO. P53.
- 16 -FAO.1992. Report of the exper consulation on utilization and conservation of Aquatic genetic resources grottaferrata, Italy, 9-13 November,1992. FAO.p58.

- 17 - Reddy, P.V.K. 1997 .Genetic improvement methods in Asian Carps.
Central Institute of Freshwater Aquaculture. P42.
- 18 - Journal of animal breeding and genetic

تاریخچه آبی پروری در جهان و ایران

بدون شک آبی پروری برای اولین بار در خاور دور شروع شده است، ولی در **مصر** قدیم و اروپای مرکزی نیز تاریخچه ای طولانی دارد.

اولین نوشتار در مورد پرورش ماهی کتاب **فن لی** است که در سال ۴۷۵ قبل از میلاد نگارش یافته است. فن لی یک سیاستمدار چینی بود که بعداً کار سیاست را رها کرد و به کار پر درآمد پرورش ماهی پرداخت. نگارش چنین کتابی در حدود ۲۵۰۰ سال قبل حاکی از آن است که در آن زمان پرورش ماهی در چین رواج داشت و یکی از مشاغل پر درآمد بود. نسخه اصلی کتاب فن لی هم اکنون در موزه انگلیس در لندن نگهداری می شود. مصری ها حدود ۲۵۰۰ سال قبل از میلاد مسیح (ع) ماهی تیلاپیا را در استخرهای خاکی پرورش می دادند.

بسیاری از مورخین بر این باورند که پرورش ماهی تیلاپیا در **مصر** زودتر از پرورش ماهی کپور در چین آغاز شده است.

چینی ها کم ماهی کپور را به چند کشور دیگر آسیایی از جمله آسیای دور، و در قرون وسطی آن را به کشورهای اروپایی بردند و در استخرهای صومعه ها پرورش دادند. این ماهی بعداً از اروپا به سایر مناطق برده شد. از قرن ششم میلادی به بعد، ماهی کپور اهمیت پرورشی خود را از دست داد. گفته می شود که این امر به علت همنام بودن این ماهی با امپراتور لی از سلسله تنگ بود (در زبان چینی به ماهی کپور لی گفته می شود). مردم نام این امپراتور را مقدس می دانستند و جایز نبود که امپراتور را در استخر پرورش دهند. برای جبران عدم پرورش ماهی کپور، چینی ها اجباراً به گونه های دیگر قابل پرورش روی آوردند و به همین دلیل بود که کم پرورش انواع گونه های کپور چینی شامل: ماهی علف خوار (آمور)، ماهی کپور نقره ای (فیتوفاگ)، ماهی سرگنده (بیگ هد) و ماهی کپور معمولی رایج شد.

در فرهنگ لغت فارسی، به آبی پروری **کشتاب ورزی** گویند. تا همین اواخر پرورش انواع کپور ماهیان، در بیشتر مناطق رواج داشت، ولی با معرفی ماهی تیلاپیا از آسیای جنوب شرقی، و نیز سهولت و امکانات پرورش صدف در بسیاری از سواحل دریاها، پرورش این ماهیان از حالت انحصاری بیرون آمد. هنگامی که چینی ها مشغول معرفی گونه های مختلف کپور چینی به کشورهای مختلف بودند، هندی ها در قسمت های شرقی هندوستان به کار پرورش انواع کپور هندی مشغول بودند و این به قرن ۱۱ میلادی بر می گردد.

همان گونه که ذکر شد، تاریخ پرورش ماهی در اروپا از قرون وسطی با معرفی ماهی کپور شروع شد. طولی نکشید که این ماهی در برخی ناطق غذای اصلی مردم در اعیاد مذهبی و ملی شد و پرورش آن به ویژه در اروپای شرقی به شدت متداول شد. اولین اقدام برای پرورش ماهی در آبهای شور، توسط اندونزی در جزیره جاوه، و در قرن ۱۵ میلادی انجام گرفت. در قرن ۱۸ میلادی در این کشور بالغ بر ۳۰۰۰ هکتار، زیر کشت ماهیان آب شور بود. اولین اقدام برای پرورش آبزیان در سواحل دریاها، پرورش صدف خوراکی بود. پرورش صدف نیز سابقه ای بسیار طولانی دارد و حدود ۲۰۰۰ سال قبل توسط رومیان، یونانیها و ژاپنی ها انجام می گرفت. ارسطو درباره پرورش صدف در یونان صحبت کرده است و پلی نی جزئیات پرورش آن را توسط رومی ها در ۱۰۰ سال قبل از میلاد مسیح (ع) شرح داده است. تکثیر و پرورش ماهی قزل آلا از فرانسه و توسط یک نفر کشیش به نام دون پین شو در قرن چهاردهم میلادی آغاز شد. طولی نکشید که پرورش ماهی قزل آلا در بسیاری از مناطق شیوع یافت و این به خصوص به علت صید ورزشی آن با قلاب بود.

پرورش گیاهان دریایی در مقایسه با آبزیان جانوری، سابقه ای طولانی ندارد. آغاز پرورش آن در عصر حاضر صورت گرفته شده است. قدیمی ترین کتاب موجود درباره پرورش گیاهان دریایی کتابی است که در سال ۱۹۵۲ در ژاپن چاپ گردیده است. در حال حاضر پرورش گیاهان دریایی در بسیاری از کشورها از جمله ژاپن، کره، تایوان و چین رواج گسترده دارد. رشد بیش از حد جمعیت در بیشتر کشورهای جهان به ویژه در کشورهای توسعه نیافته و یا در حال توسعه، لزوم افزایش سالانه تولید محصولات کشتاب ورزی را برای کشورهایی که دارای منابع آبی و امکانات مورد نیاز هستند، الزامی کرده است.

تاریخچه پرورش آبزیان در ایران

در اسطوره های ایرانی **جمشید** را نخستین انسانی پنداشتند که به پرورش ماهی پرداخت. ایرانیان محل پرورش ماهی را ماهی خانه می نامیدند.

علی رغم داشتن بیش از ۲۷۰۰ کیلومتر مرز آبی در شمال و جنوب کشور، و وجود منابع آبی فراوان در قسمتهای مختلف کشور، پرورش آبزیان در ایران تاریخچه ای بسیار کوتاه دارد. اگر چه اقداماتی در دهه دوم قرن اخیر برای تکثیر ماهیان خاویاری به صورت ابتدایی و توسط کارشناسان روسی انجام گرفته است، باوجود این احداث یک کارگاه مستقل تکثیر و پرورش ماهی، به سال ۱۳۴۱ بر می گردد. در این سال اولین کارگاه تکثیر و پرورش ماهی ایران در کرج احداث شد. این کارگاه از همان ابتدا، به کار پرورش ماهی قزل آلائی رنگین کمان پرداخت. اولین کارگاه تکثیر و پرورش ماهیان گرم آبی (شامل انواع ماهیان کپور، علف خوار، کپور نقره ای و کپور سر گنده) در سال ۱۳۵۱ در جنوب رشت تاسیس شد. این کارگاه که متعلق به شرکت سهامی دامپروری سفید رود است، در حال حاضر بزرگترین واحد تکثیر و پرورش ماهی کشور است

و بالغ بر ۱۰۰۰ هکتار استخر پرورش ماهی دارد. اولین کارگاه تکثیر و پرورش ماهی وابسته به شیلات که به منظور افزایش ذخایر ماهیان خاویاری دریای مازندران احداث شد، کارگاه شهید بهشتی (سد سنگر سابق) است که احداث آن در سال ۱۳۴۸ شروع و در سال ۱۳۵۰ بهره برداری از آن آغاز گردید. احداث کارگاه های تکثیر و پرورش ماهی هر ساله رو به ازدیاد است. به هر حال تا کنون تمامی کارهای انواع کپور ماهیان چینی و ماهی قزل آلی پرورشی بوده و علی رغم وجود شرایط و امکانات فراوان، بر خلاف سایر کشورها، کار چشمگیری روی تکثیر و پرورش انواع ماهی های دریایی، میگوها (سخت پوستان) و صدف ها (نرم تنان) انجام نگرفته است. در سالهای اخیر اقدامات مناسبی برای پرورش انواع مناسب میگوی خلیج فارس، و یکی دو گونه انواع وارداتی صورت گرفته است و امید آن می رود که در آینده ای نه چندان دور، تکثیر و پرورش آبزیان دریایی هم رشد و توسعه چشمگیری پیدا کند. پرورش انواع صدف های مروارید ساز و هسته گذاری در آنها، به منظور تولید مروارید پرورشی، در چند سال اخیر آغاز گردیده است و در حال حاضر یکی دو بخش خصوصی و قسمت های تحقیقاتی و اجرایی شیلات در این زمینه فعالیت می کنند. این کار نیز آینده خوبی دارد و امید آن می رود که خلیج فارس یک بار دیگر عظمت دیرینه خود را برای تولید انواع مروارید باز یابد.

آبزی پروری ارگانیک

تولیدات شیلاتی در جهان در طی چند سال اخیر در حدود ۱۳۰ میلیون تن ثابت باقی مانده است. از دهه ۱۹۷۰ تولیدات آبزی پروری به طور متوسط سالانه ۹ درصد افزایش داشته که با رشد ۳/۱ درصدی صید و ۹/۲ درصدی تولید گوشت جانوران خشکی زی اختلاف قابل ملاحظه ای دارد. اما رشد آبزی پروری ارگانیک از نظر میزان تولید و سطح در مقایسه با سایر بخشهای کشاورزی بسیار ناچیز است (نمودار ۱). در سال ۲۰۰۰ میلادی میزان تولیدات آبزی پروری ارگانیک تنها حدود ۵۰۰۰ تن و معادل ۰۱/۰ درصد کل محصولات آبزی پروری بود که جملگی در اروپا تولید شده است. مبانی نظری آبزی پروری ارگانیک همانطور که اشاره شد آبزی پروری ارگانیک همانند سایر بخشهای کشاورزی فرایندی را ترسیم می کند که ضمن رعایت اصول و مبانی آبزی پروری بر افزایش بهره وری نهاده ها و سلامت تمامی اجزا نظارت و تاکید می نماید. تاکنون تعدادی از مراجع بین المللی و ملی نسبت به تهیه دستورالعملهای اجرایی آبزی پروری ارگانیک اقدام نموده اند که بعضا در مواردی با هم اختلاف دارند لیکن کلیات و روح این دستورالعملها یکسان است. مبانی آبزی پروری ارگانیک به شرح زیر است (بر گرفته از استانداردهای پیشنهادی NOSB آمریکا و IFOAM)

۱. نیازمندیهای کلی

- آبی باید در شرایطی پرورش یابد که نیازمندیهای اساسی فیزیولوژیکی و رفتاری آن را تامین نماید.
- شیوه مدیریت تولید باید به نحوی باشد که سلامت آبی را حفظ نموده و آسایش آن را تامین نماید.
- به منظور پرهیز از فرار آبی پرورشی به طبیعت یا ورود آبیان وحشی به داخل محیط پرورش باید چاره اندیشی های لازم صورت گیرد و از اقدامهای مخاطره آمیز پرهیز شود. لذا پرورش آبی در قفس و محیط های محصور ممنوع است.
- در صورت معرفی آبیان غیر بومی اعمال مراقبتهای ویژه به منظور جلوگیری از وارد آمدن آسیبهای دائمی به اکوسیستم الزامی است

۲. غذا

- مواد غذایی باید بر مبنای استاندارد های تولید خوراک ارگانیک دام تولید شود
- مواد اولیه گیاهی باید از سیستم های ارگانیک کشاورزی تامین شود
- در تولید غذا برای مصرف در آبی پروری حداکثر ۲۰ درصد آرد ماهی بکار رفته باشد.
- استفاده از آرد ماهی در جیره غذایی آبیانی که ماهیخوار نیستند ممنوع است.
- آرد ماهی و روغن ماهی می بایست از ضایعات کارخانجات و یا صید ضمنی ماهیان دریایی و یا ماهیان پرورشی در سیستم ارگانیک تولید شده باشد.
- استفاده از آرد ماهی و روغن ماهی حاصل از صید مستقیم ماهی برای تولید آرد ممنوع است.
- استفاده از رنگها، هم بندها و آستاگزانتین مصنوعی در تولید خوراک ممنوع است.
- استفاده از آنتی بیوتیک ها، محرکهای رشد، ترکیبات اشتها آور و آنتی اکسیدان در تولید خوراک ممنوع است.
- افزودن مواد مکمل در ساخت غذا به استثنا مواد معدنی، ویتامین ها، مخمرها و آنزیمهای با منشا گیاهی غیر مجاز است
- استفاده از مواد اولیه با منشا حیوانات خشکی زی ممنوع است
- غذاهای باید به نحوی انجام پذیرد که با رفتارهای طبیعی جانور منطبق باشد و غذای تهیه شده نیازمندیهای غذایی جانور برای رشد را فراهم آورد.

۳. محیط زیست

- مزرعه باید به نحوی مدیریت شود که حداکثر استفاده از مواد غذایی به عمل آید و کمترین ضایعات بر جاب بماند. این اصل با پرورش توام آبزیان و سیستم های گردش آب قابل حصول است.
- جانوران شکارچی بدون استفاده از روشهای مرگ آور باید کنترل شوند.
- تمامی تاسیسات آبرسانی و در تماس مستقیم با آب باید عاری از سرب، مواد عقیم کننده و مضر به حال اهی، انسان و محیط زیست باشد.

۴. تکثیر و منشا مولدین

- استفاده از مولدینی که دستکاری ژنتیکی شده اند و یا تحت تاثیر هورمون قرار گرفته اند ممنوع است.
- نوزاد آبی باید از مزارع ارگانیک که دارای مجوز هستند تهیه شود. اگر مزارع ارگانیک وجود نداشته باشد از مزارع در حال گذار (Conversion) باید تامین گردند مشروط به آنکه شرط اول را دارا بوده و دو سوم از عمر مولدین در شرایط ارگانیک سپری شده باشد.
- تولید مثل باید حتی المقدور در شرایط طبیعی انجام شود. القای تولید مثلی مانند قطع پایه چشمی در تکثیر میگو، غیر مجاز است

۵. مراقبتهای بهداشتی

- اصل اول در آبی پروری ارگانیک پیشگیری است. رعایت نکات بهداشتی و ایمنی زیستی برای جلوگیری از انتقال بیماری به مزرعه و یا از مزرعه به محیط الزامی است.
- استفاده از مواد شیمیایی، هورمونها و آنتی بیوتیکها ممنوع است. چنانچه در مواقع ضروری استفاده شود، محصول نمی تواند به عنوان ارگانیک به بازار عرضه شود.
- استفاده از محرکهای طبیعی رشد و واکسنهای طبیعی مجاز است.
- برای کنترل عوامل انگلی استفاده از پر اکسید هیدروژن، کلرید سدیم، آهک و پرمنگنات پتاسیم آزاد است.

۶. برداشت محصول

- شتن آبی باید حتی المقدور بدون وارد آمدن استرس به جانور باشد.
- استفاده از شوک الکتریکی، دی اکسید کربن و... در صورت نیاز بلامانع است.
- قبل از کشتن جانور دمای آب به ۴ درجه سانتیگراد کاهش یابد.

- مراکز فرآوری آبزیان ارگانیک باید دارای استانداردهای بین المللی باشند.

۷. تبدیل مزارع پرورشی موجود (گذار)

- مزارع موجود برای تبدیل شدن به مراکز آبی پروری ارگانیک باید مرحله ای را پشت سر گذارند که به آن گذار (Conversion) گفته می شود. طول مدت این مرحله در امریکا ۳ سال پیش بینی شده است.

موانع توسعه آبی پروری ارگانیک

همانطور که اشاره شد در مقایسه با تولیدات ارگانیک در سایر بخشهای کشاورزی، آبی پروری ارگانیک از رشد اندکی برخوردار بوده است. اجرای مبانی آبی پروری ارگانیک انبوهی از سوالات را در پیش روی مزرعه داران و سازمانهای تخصصی قرار می دهد:

- آیا تولید غذای ۱۰۰% ارگانیک امکان پذیر است و در صورت تولید آیا این غذا مناسب خواهد بود؟
- در شرایط امروزی که در بسیاری از کشورها، استفاده از آنتی بیوتیکها جز لاینفک آبی پروری به حساب می آید آیا عدم استفاده از آنها مقدر است؟

- چگونه می توان استرس و صدمات ناشی از آن را کاهش داد؟

- چه تراکمی برای پرورش و بهترین شرایط زیست آبی مناسب است و مانع از استرس جانور می شود؟
- مزارع موجود چگونه باید به مزارع ارگانیک تبدیل شوند؟ منابع آبی چگونه تبدیل خواهند گردید؟
- برای حفاظت از عوامل خارجی نظیر بیماری و آلودگی چه راه حلهایی باید بکار گرفته شود؟ آیا باید وجود بیماری را پذیرفت؟

- برای کنترل عوامل شکارچی چه اقداماتی را باید انجام داد؟

- آیا استفاده از آرد ماهی ارگانیک اصلا مفهومی دارد؟ این اصل چقدر قابل انعطاف است؟

- در مورد کود دهی چه روشهایی را باید به کار گرفت تا حداکثر استفاده از کود به عمل آید؟ آیا سیستمهای جامع **Integrated System** تنها راه حل است؟ و... در توجیه ابعاد سوالات فوق به ذکر چند مثال بسنده می کنیم: در حالی که در آبی پروری ارگانیک کشتن جانوران شکارچی نظیر پرندگان ماهیخوار ممنوع است تنها در آمریکا سالانه بیش از ۵۰۰۰۰ قره غاز (باکلان) توسط پرورش دهندگان ماهی کشته می شود. سایر روشها نظیر استفاده از آلات و ادوات دور کننده کارایی لازم را ندارد. ابعاد و شکل مناسب برای نگهداری و پرورش برخی از آبزیان به خوبی شناخته شده است. مثلا در پرورش ماهی آزاد حوضچه مستطیل و نگهداری میگوی مولد استخرهای مدور بهترین شکل است اما این نکته بر ما معلوم نیست که این اشکال آسایش جانور را تامین خواهند نمود پرورش برخی آبزیان با انجام دستکاریهای

ژنتیکی توجیه پذیر است و در صورت رعایت اصول آبی پروری ارگانیک پرورش آنها عملاً مقدور نخواهد بود. برای مثال به نر زایی در ماهی تیلاپیا می توان اشاره نمود. مثالهایی از این دست بسیار زیادند که هر یک نکته ابهامی در توسعه آبی پروری ارگانیک به شمار می روند. از نظر اجرایی نیز موانع مختلفی برای اجرای آبی پروری ارگانیک وجود داشته و دارد که از بین آنها به موارد زیر می توان اشاره نمود:

۱. تنوع آبیان پرورشی

تا سال ۲۰۰۰ میلادی تعداد آبیان پرورشی ۲۰۶ گونه بوده است که در مقایسه با دامپروری از تنوع قابل توجهی برخوردار است (جدول ۲). نیازهای اکولوژیکی و شرایط پرورشی این گونه ها نیز اغلب متفاوت بوده و سوالات اساسی را پیش روی دست اندرکاران قرار می دهد.

۲. عدم وجود آیین نامه های اجرایی بین المللی

اگرچه برخی سازمانهای بین المللی مانند FAO/WHO ، IFOAM شیوه نامه های کلی برای اجرای آبی پروری ارگانیک را منتشر نموده اند اما هنوز اختلاف نظرهای اساسی در مبانی و کاربردی بودن این دستورالعملها وجود دارد. کشورهای مختلفی نظیر امریکا، نیوزیلند و نیز کشورهای حوزه اروپا تهیه دستورالعملهای ملی را بر اساس آیین نامه های بین المللی در دستور کار خود قرار داده اند لیکن هنوز کمبودهای محسوسی در این آیین نامه ها مشاهده می شود. برای مثال در امریکا تا سال ۲۰۰۱ میلادی چندین استاندارد ملی پیشنهاد گردید که هیچیک از آنها نهایی و به عنوان استاندارد ملی پذیرفته نشده است. در نیوزیلند ضوابط آبی پروری ارگانیک از سال ۲۰۰۱ مورد عمل قرار می گیرد.

۳. مراکز بازرسی و صدور گواهینامه ارگانیک

بیش از ۹۰ درصد آبیان پرورشی در کشورهای در حال توسعه تولید می شود و میزان تولیدات این کشورها سالانه ۵/۱۲ درصد افزایش می یابد. ۱۰ درصد باقیمانده نیز در سایر مناطق جغرافیایی (امریکا و اروپا و اقیانوسیه) تولید می گردد. این در حالی است که تقریباً تمامی مراکز بازرسی و صدور گواهینامه در کشورهای توسعه یافته مستقر هستند (جدول ۳). انتظار می رود با توسعه این مراکز و استقرار آنها در مراکز آبی پروری روند افزایش مراکز آبی پروری ارگانیک سرعت گیرد.

پیش بینی روند توسعه آبی پروری ارگانیک

بر اساس ارزیابی انجام شده توسط فائو میزان تولیدات آبی پروری از حدود ۴۵ میلیون تن در سال ۲۰۰۰ با ۴ برابر افزایش به ۱۹۴ میلیون تن در سال ۲۰۳۰ خواهد رسید. سهم آبی پروری ارگانیک نیز تا سال ۲۰۱۰ سالانه ۳۰ درصد و از سال ۲۰۱۱ تا ۲۰۲۰ سالانه ۲۰ درصد و از سال ۲۰۲۱ تا ۲۰۳۰ سالانه ۱۰ درصد افزایش خواهد یافت. به این ترتیب میزان تولید آبی پروری ارگانیک با ۲۴۰ برابر افزایش از ۵۰۰۰ تن در سال ۲۰۰۰ به ۴/۱ میلیون تن خواهد رسید که معادل ۶/۰ درصد کل محصولات آبی پروری در سال ۲۰۳۰ است. این ارزیابی بر اساس توان فعلی تولید و در نظر گرفتن بازارهای اروپا، آمریکا، استرالیا، ژاپن، نیوزیلند و سنگاپور انجام شده است. با پاسخ به سوالات اساسی پیش روی این بخش، تدوین آیین نامه های اجرایی و گسترش مراکز بازرسی و صدور گواهینامه و ارتقای فرهنگ مصرف کنندگان و استقبال هر چه بیشتر بازار از محصولات ارگانیک انتظار می رود روند آبی پروری ارگانیک نیز تسریع گردد.

آبی پروری ارگانیک در ایران

دانش آبی پروری در ایران از قدمت نسبتاً کوتاهی برخوردار است و بخش عمده توسعه فعالیت های تکثیر و پرورش ماهی در طی سال های پس از پیروزی انقلاب اسلامی تحقق یافته است. بر اساس اطلاعات موجود میزان تولید سالانه آبزیان پرورشی در سال ۱۳۵۶ اندکی بیش از ۳۰۰۰ تن بوده است. در حال حاضر مجموع تولیدات زیر بخش آبی پروری نزدیک به ۸۰۰۰۰ تن است. سابقه و تجربه نسبتاً اندک پرورش آبزیان و نیز نبود تحقیقات کاربردی در زمینه آبی پروری امکان تطبیق شرایط پرورش آبزیان را با استانداردهای آبی پروری ارگانیک مشکل می نماید. سوالاتی که به صورت عمومی برای تحقق مبانی آبی پروری ارگانیک مطرح گردید در مورد ایران با شدت بیشتری مطرح است و پاسخگویی به آنها مشکل تر خواهد بود. علاوه بر این در شرایط کنونی بخش عمده آبزیان پرورشی ایران (بجز میگو) به بازارهای داخلی عرضه می شود. با توجه به وضعیت درآمد سرانه، عرضه گسترده محصولات ارگانیک که عموماً از قیمت فروش بالاتری نسبت به محصولات عادی برخوردارند، در آینده نزدیک تحقق نخواهد یافت. بدیهی است با ارتقای فرهنگ عموم مصرف کنندگان به خصوص عده ای که از نظر درآمد در طبقه بالای جامعه قرار می گیرند، زمینه عرضه داخلی محصولات ارگانیک از جمله آبزیان فراهم خواهد شد. از سوی دیگر شبهه سنتی بودن آبی پروری در ایران و استفاده از فن آوری نسبتاً ساده در آبی پروری این فرصت را بوجود می آورد که بانجام پاره ای تغییرات در شیوه مدیریت مزارع، تولید آبزیان ارگانیک و در مرحله بعد اجرای سامانه آبی پروری ارگانیک در مزارع قابل حصول باشد. در مورد میگو که محصولی با

تقاضای نسبتا بالا در بازارهای جهانی (امریکا ، اروپا و ژاپن) می باشد ، دور نمای بازار برای فروش میگوی ارگانیک ایران بیش از سایر آبزیان مهیا است . با در نظر گرفتن این مطلب که شیوه عمومی مدیریت مزارع پرورش و بخش قابل توجهی از مراکز تکثیر میگو با ضوابط بین المللی همخوانی دارد چنانچه اصلاحاتی در بعضی مراحل فرایند تولید (نظیر ساخت غذا) انجام گیرد می توان امید وار بود که عرضه میگوی ایران به بازارهای جهانی با نشان " ارگانیک " انجام شود که این امر مزایای زیادی برای تولید کنندگان ایرانی به همراه خواهد داشت و قدرت رقابت ایشان در بازارهای بین المللی را افزایش می دهد . تولید میگوی ارگانیک رویکردی است که اخیرا و با توجه به افزایش تولید میگو و تعدد کشورهای پرورش دهنده با هدف افزایش قدرت رقابت در بازارهای مصرف, مورد توجه برخی تولید کنندگان قرار گرفته است. ویتنام از جمله این کشورها است که قصد دارد با توسعه آبی پروری ارگانیک جایگاه خود را در بین سایر رقبا تثبیت نموده و در بحبوحه افت قیمت جهانی میگو بخشی از محصول خود را با قیمت به مراتب بالاتر عرضه می کند .استقبال مصرف کنندگان اروپایی از میگوی ارگانیک موفقیت نسبی این رویکرد را یادآوری می نماید.

ژنتیک

علم ژنتیک علمی است که به مطالعه وراثت و فعالیت ژن و همچنین به بررسی روشهایی که ژنها از یک نسل به نسل دیگر منتقل می شوند، می پردازد. ژنتیک از کلمه **generate** گرفته شده که به معنای تولید شدن و هستی یافتن است. علم ژنتیک به شاخه های مختلفی تقسیم می گردد. که عبارتند از ژنتیک کلاسیک، سیتوژنتیک، ژنتیک مولکولی، ژنتیک جمعیت و ژنتیک کمی.

در ژنتیک مندلی یا کلاسیک به بررسی انتقال صفات مجزا از نسلی به نسل دیگر و نحوه بیان آنها بر اساس قوانین مندلی بررسی می شود.

علم سیتوژنتیک به مطالعه ساختمان، عمل و حیات سلولها می پردازد. از این رو علم سیتوژنتیک نیز علمی است که روشها و یافته های علوم سیتولوژی و ژنتیک را در هم می آمیزد. در علم سیتوژنتیک ساختمان، عمل و تکامل کروموزمها بررسی می شود.

ژنتیک مولکولی به مطالعه ساختمان، عمل و پویائی ژن ها در سطح مولکولی می پردازد.

ژنتیک جمعیت ترکیب ژنتیکی و تکامل جوامع مختلف مطالعه می شود. مطالعات در زمینه ژنتیک جمعیت با علوم دیگر چون سایر شاخه های علم ژنتیک، بوم شناسی، رده بندی، تاریخ طبیعی و آمار همپوشانی دارد. مباحث ژنتیک جمعیت و فرایندهای مربوط به آن تحت عنوان جهش، مهاجرت، انتخاب، انحراف ژنتیکی، درون آمیزی و هم سازگاری مطرح می شود.

ژنتیک کمی به مطالعه صفاتی می پردازد که ریخت های حاصل از آنها دارای طبیعتی کمی بوده و توزیعشان پیوسته است.

تعاریف

۱- ژن: عامل وراثتی و تعیین کننده یک عمل بیولوژیکی، یک واحد توارث که در یک قسمت ثابت کروموزوم واقع شده است.

۲- آلل: فرم های مختلف یک ژن را گویند.

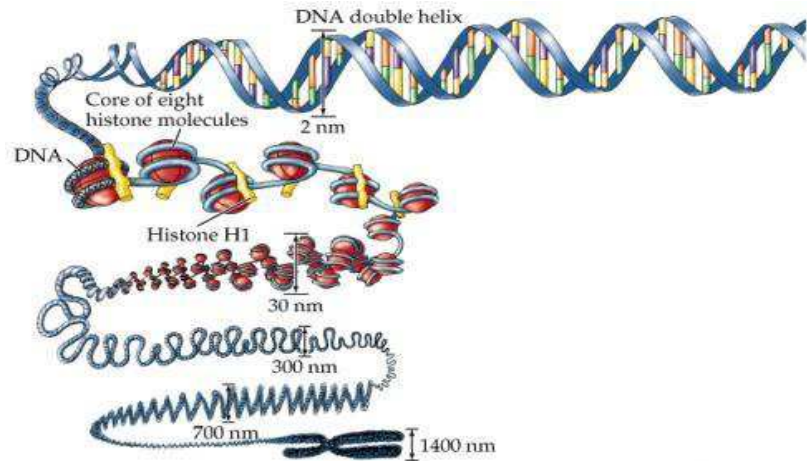
۳- لوکوس: جایگاه ژن در روی کروموزوم را لکوس گویند.

۴- فنوتیپ: اثرات قابل رویت یک ژن را گویند.

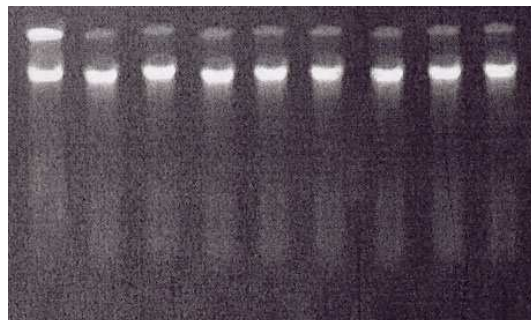
۵- ژنوتیپ: ساختار ژنتیکی یک ژن را گویند.

اسید های نوکلئیک (**Nucleic acids**):

اسیدهای نوکلئیک را می توان به عنوان مهمترین ترکیبات ماده زنده در نظر گرفت. در ساخت مولکولی این اسیدها عملاً تمام اطلاعات ژنتیکی یعنی تمام اجزای لازم برای ساخته شدن پروتئینها اختصاصی وجود دارند. انتخاب نامشان به این مناسبت است که نخستین بار بوسیله مشیر Micher از شیره هسته گویچه های سفید جدا شده اند. تمام سلولها دو نوع اسید نوکلئیک دارند. از سوی دیگر ثابت شده است که این دو نوع نوکلئیک RNA دارای قند ریبوز و اسید دزاکسی ریبونوکلئیک DNA دارای قند دزاکسی ریبوز است.



ساختمان ژنوم از DNA تا کروموزوم



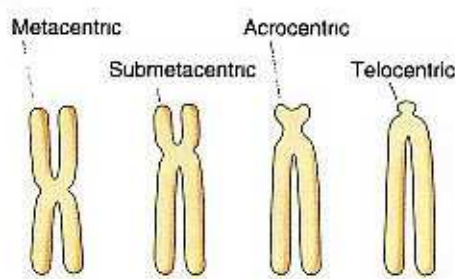
DNA استخراج شده از بافت باله دمی تاسماهی ایرانی (ژل آگارز ۱٪)

ساختمان کروموزوم

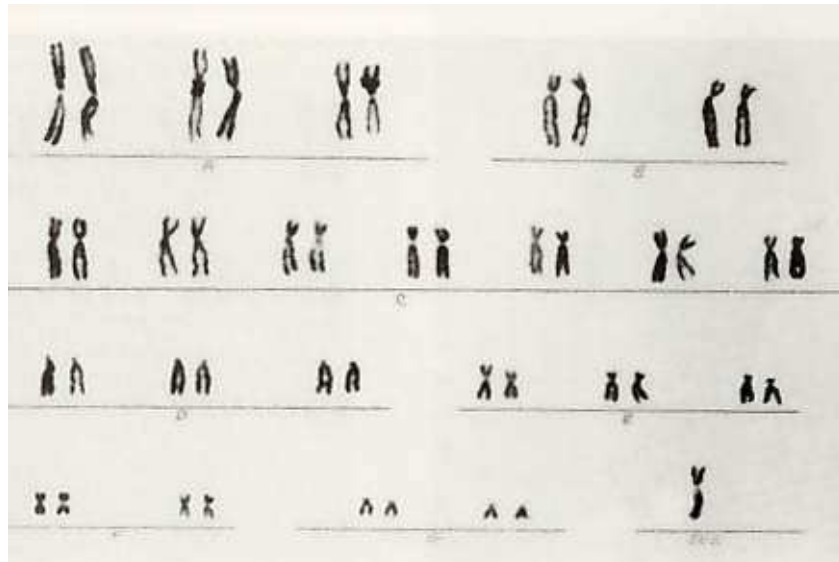
ماده ژنتیکی موجودات عالی در کروموزومهایی، متشکل از DNA، پروتئینهای هیستونی و پروتئینهای غیرهیستونی قرار دارد. مولکول دو رشته ای DNA در تمام طول کروموزوم قرار گرفته و با پیچش به دور

ترکیبات هیستونی، رشته کروماتین اولیه به ضخامت ۱۱ نانومتر را ایجاد می‌کند. کروماتین نیز پیچ و تاب‌های فراوانی خورده، ساختار بسیار متراکم کروموزوم‌های مرحله متافاز را به ضخامت ۷۰۰ نانومتر ایجاد می‌کند. به علت آنکه کروموزوم‌ها در مرحله متافاز تقسیم میتوز بیشترین تراکم ساختمانی را دارند، در موجودات عالی در این مرحله مطالعه می‌شوند. در این مرحله کروموزوم‌ها مضاعف شده، دارای دو رشته می‌باشند که به نام کروماتیدهای خواهری نامیده شده و به وضوح قابل مشاهده‌اند.

در حالت معمول کروموزوم‌های مرحله متافاز در زیر میکروسکوپ نوری، به صورت دو کروماتید، که در محل سانترومر به هم متصلند، قابل مشاهده‌اند. شکل کروموزوم بواسطه محل قرار گرفتن سانترومر، تعیین می‌شود. معمولاً بسته به محل سانترومر در روی کروموزوم، کروموزوم به چهار دسته تقسیم می‌شوند. در کروموزوم‌های متاستریک (Metacentric) سانترومر تقریباً در وسط کروموزوم قرار داشته و بازوهای کروموزوم دارای طول برابر می‌باشند. سانترومر در کروموزوم‌های ساب‌متاستریک (Submetacentric) به سمت یک انتهای کروموزوم نزدیک تر شده، لذا طول بازوهای آن با هم برابر نمی‌باشد (این حالت به عنوان بازوهای دراز و کوتاه نامیده می‌شود). کروموزوم‌های دارای یک بازوی بسیار کوتاه به نام کروموزوم‌های اکروستریک (Acrocentric) یا ساب تلوستریک (Subtelocentric) خوانده شده و آنهایی که تنها دارای یک بازوی قابل رؤیت با سانترومری در انتها می‌باشند، به نام کروموزوم‌های تلوستریک (Telocentric) نامیده می‌شوند. از آنجائیکه احتمالاً بیشتر کروموزوم‌ها دارای یک بازوی بسیار کوتاه می‌باشند، حتی اگر این بازو به سختی هم قابل مشاهده باشد، برخی نویسندگان کروموزوم‌های تلوستریک و ساب تلوستریک را در یک گروه قرار داده اند کروموزوم‌های جنسی، کروموزوم‌هایی هستند که بین نرها و ماده‌ها با هم متفاوت می‌باشند، کروموزوم‌های دیگر به نام کروموزوم‌های غیرجنسی خوانده می‌شوند.



اشکال مختلف کروموزوم



ژنتیک کلاسیک

در ژنتیک علائم خاصی مورد استفاده قرار می‌گیرد و به عنوان زبانی هستند که مفاهیم مهم ژنتیک را توضیح می‌دهند. به عنوان مثال حروف بزرگ به عنوان الل بارز و حروف کوچک به عنوان الل نهفته بکار برده می‌شود. خواص جهش یافته معمولاً به وسیله آل‌های نهفته کنترل می‌شوند زیرا بیشتر جهش‌ها به صورت نهفته است. آل بارز تولید محصولات (آنزیم و یا پروتئین) کامل و قابل استفاده می‌کند. ژنهای نهفته زمانی بروز می‌کنند که الل‌های بارز در کنار آنها نباشند. در بعضی موارد مثلاً در گیاهان دورگه پا بلند، الل‌ها با هم تفاوت دارند یکی از آنها برای پایه بلندی و دیگری جهت پایه کوتاهی است. زمانی که یک جفت ژن در موجودی با هم برابرند مثلاً DD موجود از نظر آن ژن هموزایگوس ($Homozygous$) و خود فرد هموزایگوت ($Homozygote$) است. در صورتی که آل مختلف در مورد یک ژن وجود داشته باشد مثلاً D, d موجود را از نظر آن هتروزایگوس ($Heterozygous$) و خود موجود را هتروزایگوت ($Heterozygote$) می‌گویند.

دو اصطلاح مهم دیگر در ژنتیک فنوتیپ ($phenotype$) و ژنوتیپ ($Genotype$) هستند. که اولی اثرات قابل رویت یک ژن مانند صفت البیو در قزل‌آلا و دومی ساختار ژنتیکی یک ژن را می‌گویند.

ژنهای آتوزومی

به طور کلی ژنها می‌توانند روی کروموزومهای جنسی و یا کروموزومهای آتوزومی قرار داشته باشند، به هنگام بررسی نحوه وراثت یک فنوتیپ کیفی، تعیین اینکه ژن یا ژنهای مسبب آن فنوتیپ روی کروموزومهای جنسی یا آتوزومی قرار دارند، حائز اهمیت است. زیرا چگونگی به ارث رسیدن ژنهای آتوزومی با ژنهایی که در روی کروموزومهای جنسی قرار دارند متفاوت می‌باشد. ژنهایی که در روی

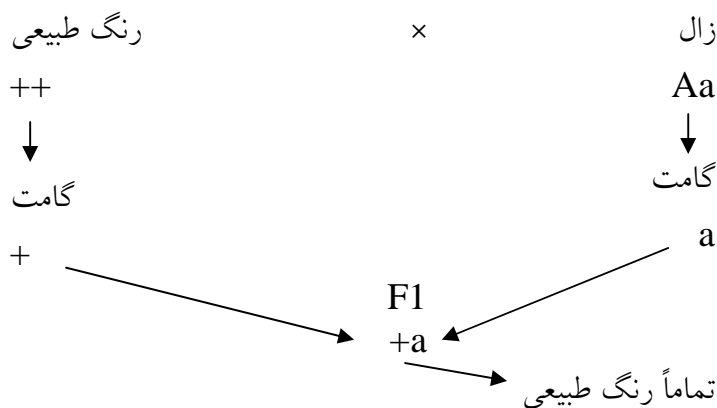
کروموزومهای جنسی قرار دارند نحوه وراثت آنها به نحوه تعیین جنسیت و تعداد کروموزومهای جنسی بستگی دارند.

۱- ژنهای غالب و مغلوب

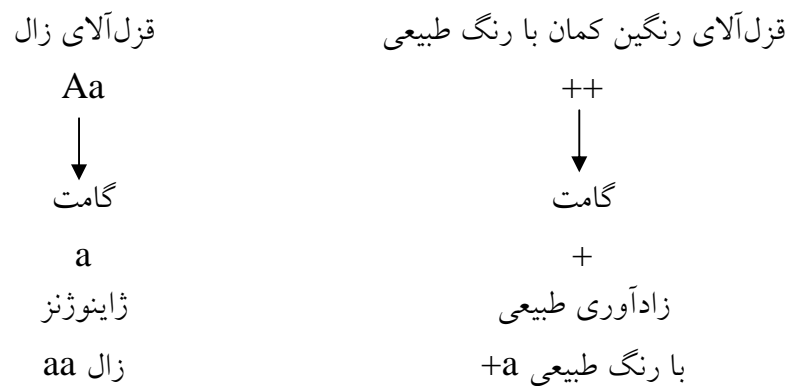
اصل اول ژنتیک مندلی: غالبیت هنگامی روی می دهد که یک الل، شدیدتر از سایر آللهای بروز یابد. آلی که شدیدتر بروز پیدا می کند، الل بارز و دیگری الل نهفته (مغلوب) نامیده می شود. به فنوتیپی که به وسیله الل بارز کنترل می شود، فنوتیپ غالب (بارز) و به فنوتیپی که به وسیله الل نهفته کنترل می گردد فنوتیپ مغلوب (نهفته) گفته می شود. هنگامی که روش فعالیت ژنی، غالبیت کامل است، فقط دو فنوتیپ وجود دارد. علت این است که در حضور الل بارز در ژنوتیپ ناخالص فقط ژن غالب بروز می کند. از نمونه ژنهای با غالبیت کامل، فعالیت ژن صفت زالی است. این ژن در تمامی موجودات وجود دارد یعنی در صورت وجود فنوتیپ زالی موجود کاملاً سفید می باشد. این صفت در گربه ماهی رو گامی است. زالی در گربه ماهی به وسیله ژن ساده **a** که یک ژن اتوزومی نهفته است کنترل می شود. علامت + برای مشخص کردن رنگ آمیزی ملانین دار طبیعی است. با توجه به اینکه الل + نسبت به الل **a** دارای غالبیت کامل می باشد سه نوع ژنوتیپ در این لوکوس قرار دارد که فقط قادر به تولید دو فنوتیپ هستند.

ژنوتیپ	فنوتیپ
AA	رنگ طبیعی
Aa	رنگ طبیعی
aa	زال

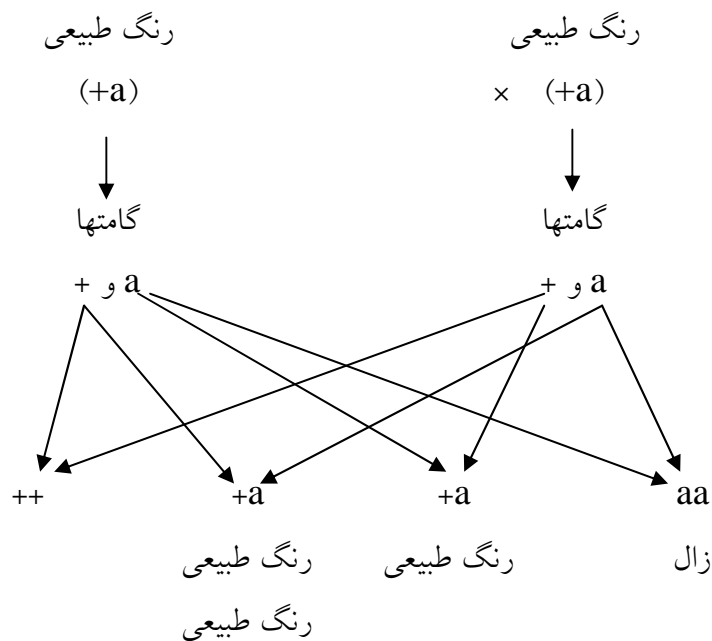
پس هنگامی که یک گربه ماهی با رنگ طبیعی خالص را با یک گربه ماهی زال آمیزش دهند، آمیزش حاصل به صورت زیر خواهد بود.



چنین صفتی در قزل آلی رنگین کمان هم وجود دارد که به همین صورت به ارث می‌رسد. از این صفت برای بررسی نتایج حاصل از ماده‌زائی استفاده می‌شود یعنی اگر یک ماده زال قزل آلا را با استفاده از اسپرم یک قزل آلی نر با رنگ طبیعی خالص آمیزش دهند در صورتی که ژاینورنز صورت گرفته باشد نتایج حاصل تماماً زال می‌باشند.



تنها راه به وجود آمدن یک گربه ماهی زال اینست که یک اسپرم با ژن a با تخمک دارای الل a با هم آمیزش کنند که در دو صورت بوجود می‌آید اول اینکه هر دو والد زال باشد یا اینکه والدین به صورت هتروزایگوت بوده و دارای الل نهفته باشند در این صورت در آمیزش آنها $\frac{1}{4}$ نسل زال خواهند بود.



نسبت فنوتیپی و ژنوتیپی را می توان از طریق مربع پانت تعیین کرد. تمام گامت های ماهی نر در طول ستونهای بالا، و گامت های جنس ماده در صورت سمت چپ قرار می گیرد.

گامت نر			
گامت ماده		+	A
	+	++ طبیعی	+a طبیعی
	a	a+ طبیعی	aa زال

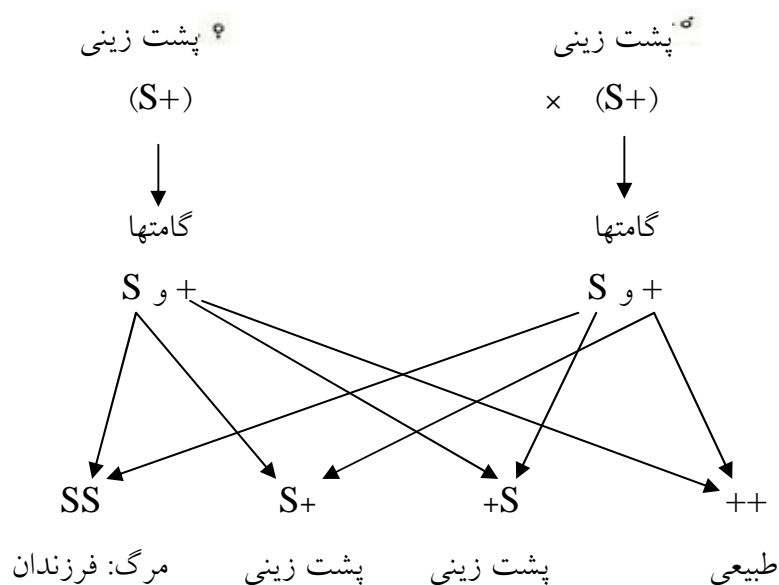
۲- ژن های با غالبیت ناقص

حالت دیگر از غالبیت است که الل بارز، شدیدتر از الل نهفته نمایان می شود اما شدت آن به اندازه ای نیست که فنوتیپ ناخالص با فنوتیپ خالص برابر باشد. ژنهایی که دارای فعالیت ژنی غالبیت ناقص هستند ۳ ژنوتیپ و ۳ فنوتیپ ایجاد می کنند.

در اینجا، ژن V در ماهی جنگجوی سیامی، برای توضیح این نوع فعالیت ژنی بکار رفته و چگونگی به ارث رسیدن این فنوتیپ را نشان می دهد. ژن V تعداد گوانوفورها (Guanophores) را تعیین می کند. و روی رنگ بدن تأثیر دارد. به این علت که غالبیت این الل به صورت کامل نمی باشد فنوتیپ حاصل از ژنوتیپ ناخالص به فنوتیپ غالب بیشتر تمایل است. ژنوتیپها و فنوتیپهای ژن V در ماهی جنگجوی سیامی به قرار زیر است.

ژنوتیپ	فنوتیپ
VV	آبی فولادی
Vv	آبی
vv	سبز

به این علت هر ژنوتیپ، فنوتیپ منحصر به فردی را ایجاد می کند بنابراین از فنوتیپ رنگ در ماهی جنگجو که به رنگ های آبی فولادی، آبی و سبز است، ژنوتیپ آن را می توانیم پی ببریم. تعدادی از ژنهای دارای غالبیت ناقص کشنده بارز هستند (Pominony lephalyenes) به این معنی که ژنوتیپ خالص غالب منجر به مرگ می شود. مثال این مورد ژن S در ماهی تیلاپیا اوره آ است.



۳- ژنهای افزایشی - همبارز

در صورتی که هیچ یک از آنها غالب نباشد، هر ۲ الل به طور یکسان با یک روش افزایشی و همسو در ایجاد یک فنوتیپ شرکت می‌کنند و فنوتیپ ناخالص، در حد واسط ۲ فنوتیپ خالص، قرار دارد. تشخیص اینکه آن دسته از ژنهای اتوزومی دارای فعالیت افزایشی است یا غالب ناقص، این نکته که آیا فنوتیپ ناخالص در حد واسط ۲ فنوتیپ خالص قرار دارد یا به یکی از دو فنوتیپ خالص شباهت بیشتری دارد. ژن **G** در قزل‌آلای رنگین کمان نمونه‌ای از ژنهایی است که دارای فعالیت ژنی افزایشی می‌باشند. ژن **G** فنوتیپ‌های رنگ بدن شامل طلایی، ابرش و طبیعی را بوجود می‌آورد:

ژنوتیپ	فنوتیپ
G^-G^-	طلایی
G^-G	آبرش
GG	طبیعی

ژنهایی که با روش افزایشی عمل می‌کنند همچون ژنهای با غالبیت ناقص نشان می‌دهند ۳ ژنوتیپ و ۳ فنوتیپ دارند به همین دلیل هر ژنوتیپ یک فنوتیپ دارند و مشخص کردن ژنوتیپ از روی فنوتیپ بسیار آسان است.

۴- وراثت دو صفتی

هنگامی که ۲ یا چند ژن به طور مستقل به ارث برسند یعنی پیوسته نباشند و هر یک از ژنها فنوتیپی متفاوت را کنترل کنند چه فنوتیپها را بصورت مجزا در نظر گرفته شوند و چه به صورت توأم کار با آنها بسیار ساده است زیرا ژنوتیپهای این ژنها مجزای از هم به ارث می‌رسند، اصل دوم مندل است (تفکیک صفات **Principle of segregation** که ژنهای جدا مستقل از یک به ارث می‌رسند. مفهوم تفرق که به عنوان یکی از اصول مندل شناخته می‌شود. به این صورت خلاصه می‌شود ژنهای زوج (جفت آلله‌ها) از یکدیگر جدا شده و به سلولهای جنسی انتقال می‌یابند. بنابراین فراوانیها و احتمالات مربوط به وقوع همزمان ترکیبهای خاص از فنوتیپی و ژنوتیپها بیشتر از حاصل ضرب فراوانیها و احتمالات وقوع جداگانه هر یک از آن فنوتیپها و ژنوتیپها خواهد بود.

به عنوان مثال رنگ طلائی بدن در **ماهی گوپی** توسط یک ژن نهفته اتوزومی غالب کنترل می‌گردد. الل بارز **G** باعث رنگ خاکستری و الل نهفته **g** باعث رنگ طلائی می‌شود. خمیدگی ستون مهره‌های بدن نیز بوسیله یک ژن نهفته اتوزومی ساده **Cu** کنترل می‌گردد. الل غالب بصورت **Cu** باعث حالت طبیعی و **cu** الل نهفته باعث خمیدگی می‌گردد.

	G	g	گامتها: $AG,Cu ; Ag,cu ; Ag,cu ; ag,cu$
Cu	G_1Cu	g_1Cu	
cu	G_1cu	g_1cu	

گامت‌های حاصل در یک گوپی با حالت طبیعی ستون مهره و خاکستری اما ناخالص

در هر فرد ۴ نوع گامت با فراوانی ۱ تولید خواهد شد که ترسیم مربع پانت آن نسبت فنوتیپها و ژنوتیپهای حاصل از آمیزش یک گوپی ناخالص بصورت زیر است.

۹، خاکستری و ستون مهره طبیعی × ۹، خاکستری و ستون مهره طبیعی
(Gg,Ccnn) (Gg,Ccnn)

	G,Cc	G,cu	g,Cc	g,cu
G,Cc	GCG,CuCu خاکستری و ستون مهره طبیعی	GCG,Ccnu خاکستری و ستون مهره طبیعی	Gg,CuCu خاکستری و ستون مهره طبیعی	Gg,Ccnu خاکستری و ستون مهره طبیعی
G,cu	Gg,CuCu خاکستری و ستون مهره طبیعی	Gg,Ccnu خاکستری و ستون مهره خمیده	Gg,CuCu خاکستری و ستون مهره طبیعی	Gg,Ccnu خاکستری و ستون مهره خمیده
g,Cc	gg,CuCu خاکستری و ستون مهره طبیعی	gg,Ccnu خاکستری و ستون مهره طبیعی	gg,CuCu طلایی و ستون مهره طبیعی	gg,Ccnu طلایی و ستون مهره طبیعی
g,cu	gg,CuCu خاکستری و ستون مهره طبیعی	gg,Ccnu خاکستری و ستون مهره خمیده	gg,CuCu طلایی و ستون مهره طبیعی	gg,Ccnu طلایی و ستون مهره خمیده

نسبت فنوتیپی: ۱GG,CuCu:۱GG,Ccnu:۲Gg,CuCu:۲Gg,Ccnu:۱gg,CuCu:۱gg,Ccnu:۲gg,CuCu:۲gg,Ccnu

۱ طلایی و ستون مهره خمیده: ۳ طلایی و ستون مهره طبیعی: ۳ خاکستری و ستون مهره خمیده:

۹ خاکستری و ستون مهره طبیعی: نسبت فنوتیپی

نسبت فنوتیپی ۹:۳:۳:۱ خواهیم داشت این در صورتی که هر دو ژن غالبیت داشته باشند.

۵- دو یا چند ژن اتوزومی

بسیاری از فنوتیپ‌ها به وسیله ترکیبی از ۲ یا چند ژن کنترل می‌شوند در این حالت یک ژن منفرد به تنهایی این فنوتیپ‌ها را ایجاد نخواهد کرد. هنگامی که ۲ یا چند ژن، یک فنوتیپ را کنترل نمایند یکی از دو روش ممکن برای همکاری ژنها یعنی همکاری افزایشی و یا همکاری اپیستاتیک عمل می‌نمایند. همکاری افزایشی در ۲ یا چند لوکوس مشابه همان چیزی است که در مورد فعالیت افزایش یک لوکوس منفرد، مشاهده شد. لیکن به دلیل اینکه دو ژن وجود دارد تعداد فنوتیپ‌ها نیز بیشتر خواهد بود.

نمونه‌ای از این فنوتیپ‌ها که بوسیله ۲ ژن دارای همکاری ژنی افزایشی کنترل می‌شوند. رنگ ملانیتیک بدن در ذخایر اهلی شده ماهی **مولی** می‌باشد. رنگ بدن در این ماهیان از خاکستری یکنواخت با عینه‌های روشن تا سیاه تیره با عینه ملی سیاه تغییر می‌کند. این فنوتیپ، به وسیله ژنها M و N کنترل می‌شوند. رنگ در این گونه به تعداد اللهای غالب بستگی دارد.

اپیستازی (Epistasis)

واکنش ژنهای مختلف (غیر آلل) را اپیستازی گویند. هر ژنی که اثر ژن غیر آلل دیگر را بپوشاند نسبت به آن ژن اپیستاتیک است. اپیستازی را ناپیستی با غالبیت اشتباه گرفت اپیستازی واکنش بین ژنهای مختلف (غیر آلل)، در صورتی که غالبیت واکنش بین آللهای مختلف یک ژن است.

۱- اپیستازی بارز: Dominant epistasis

اپیستازی بارز به حالتی گفته می‌شود که یک الل بارز در یک لوکوس (لوکوس استیاتیک) بدون توجه به ژنوتیپ موجود در لوکوس دوم فنوتیپ خود را بروز می‌دهد. ژن دوم هنگامی قادر خواهد بود که فنوتیپ خود را نمایان کند که لوکوس اول در حالت هموزیگوت در الل مغلوب باشد. در این صورت ژن دوم دو فنوتیپ تولید می‌کند. اپیستازی بارز منجر به ایجاد نسبت ۱۲:۳:۱ در نسل F_2 می‌شود.

صفت زالی در ماهی طلائی نمونه‌ای از فنوتیپ‌های است که بوسیله اپیستازی بارز کنترل می‌شوند. این صفت در ماهی طلائی، توسط ۲ ژن M و S کنترل می‌شود ژن M لوکوس اپیستاتیک است الل غالب M باعث تیره شدن ماهی طلائی می‌شود. هنگامی که لوکوس M ، خالص نهفته باشد (mm)، لوکوس S می‌تواند ماهی طلائی روشن (SS , Ss) و یا زال (ss) را ایجاد کند بنابراین ماهیان زال فقط هنگامی ایجاد می‌شوند که هر ۲ لوکوس در حالت خالص نهفته باشند (mm,ss) مربع پانت برای آمیزش ۲ ماهی طلائی تیره ناخالص Ss, Mm و نسبت فنوتیپی نسل F_2 به صورت زیر است:

		تیره ♂		تیره ♀	
		(Mm, Ss)		(Mm, Ss)	
		گامت‌های نر			
		MS	Ms	mS	ms
گامت‌های نر	MS	MM, SS تیره	MM, Ss تیره	Mm, SS تیره	Mm, Ss تیره
	Ms	MM, sS تیره	MM, ss تیره	Mm, sS تیره	Mm, ss تیره
	mS	mM, SS تیره	mM, Ss تیره	mm, SS روشن	mm, Ss روشن
	ms	mM, sS تیره	mM, ss تیره	mm, sS روشن	mm, ss زال

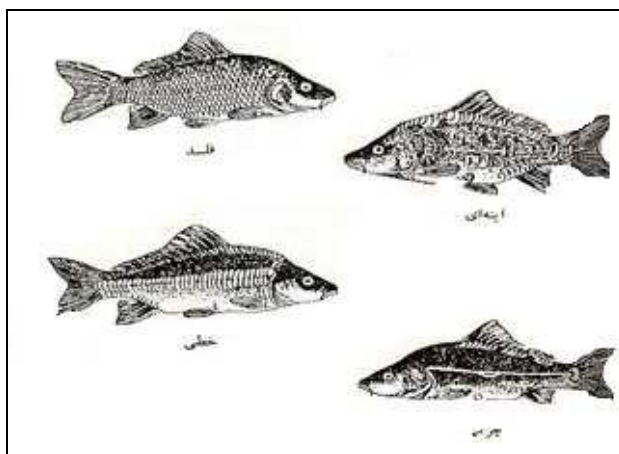
۱ زال : ۳ روشن : ۱۲ تیره : نسبت فنوتیپی

مربع پانت برای آمیزش ۲ ماهی طلایی تیره ناخالص Ss, Mm و نسبت فنوتیپی نسل F_2

۲- اپستازی کشنده

الگوی فلسی در کپور معمولی به وسیله ژنهای S, N کنترل می‌شود. این ژنها، فنوتیپها را از طریق نوعی اپستازی بارز ایجاد می‌کنند. به طوری که ژن N ، لوکوس اپستاتیک است. ژن N یک ژن اسپتاتیک کشنده (Lethal epistatic gene) می‌باشد. یعنی از خود غالب ناقص، نشان داده و در حالت خالص کشنده است.

ژن S ، داشتن فلس را کنترل می‌کند و ژن N الگوی آن را تغییر می‌دهد. ال S نسبت به s دارای غالبیت کامل دارد. فنوتیپ غالب که به وسیله ال S کنترل می‌شود همان الگوی فلس نوع وحشی یا معمولی است. در فنوتیپ مغلوب که با ال s کنترل می‌شود.



تصویر ماهیان کپور معمولی فلسدار، آینه‌ای، خطی و چرمی

ژنوتیپ	فنوتیپ
SS, nn	فلسدار
Ss, nn	فلسدار
ss, nn	آینه‌ای
SS, Nn	خطی
Ss, Nn	خطی
ss, Nn	چرمی
SS, NN	مرگ
Ss, NN	مرگ
ss, NN	مرگ

نتایج حاصل از آمیزش دو کپور معمولی فلسدار ناخالص

گامت‌های نر

	SN	Sn	sN	sn	
گامت‌های ماده	SN	SS ₁ NN	SS ₂ Nn	SS ₃ NN	SS ₄ Nn
	Sn	خطی	فلسدار	خطی	فلسدار
	sN	sS ₁ NN	sS ₂ Nn	ss ₃ NN	ss ₄ Nn
	sN	مرگ	خطی	مرگ	جرمی
	sn	sS ₁ nN	sS ₂ nN	ss ₃ nN	ss ₄ nN
sn	خطی	فلسدار	جرمی	آینه‌ای	

۱ آینه‌ای: ۳ فلسدار: ۲ جرمی: ۶ خطی: ۴ مرگ: نسبت فنوتیپی

۳- ایستازی نهفته

ایستازی نهفته، هنگامی روی می‌دهد که ژنوتیپ در یک لکوس (لوکوس ایستاتیک) باعث سرکوب بروز فنوتیپی لکوس دیگر شود. ژنوتیپ‌های لکوس دوم فقط هنگامی می‌توانند بروز یابند که حداقل یک الل بارز در لکوس ایستاتیک موجود باشد. ایستاتیک نهفته فنوتیپی ۹:۳:۴ را در نسل دوم F₂ ایجاد می‌کند. رنگ چشم در ماهی کاراسین غاری مکزیکی نمونه‌ای از فنوتیپ‌هایی است که به وسیله ایستازی نهفته کنترل می‌شوند. در این ماهی: سیاه، قهوه‌ای و یا صورتی بودن رنگ چشم بوسیله ژنهای ab و bw کنترل می‌شود.

لوکوس ab، لوکوس ایستاتیک می‌باشد که در آن ژنوتیپ abab بدون توجه به ژنوتیپ bw باعث تولید چشمهای صورتی رنگ می‌شود یک الل بارز ab(+) به ژنوتیپ bw اجازه تولید چشمهای قهوه‌ای و یا سیاه می‌دهد. مربع پانت و نسبت فنوتیپی برای آمیزش ۲ ماهی کاراسین غاری مکزیکی چشم سیاه ناخالص bw⁺ و ab⁺ به صورت زیر است.

♀ چشم سیاه × ♂ چشم سیاه
 $(ab+ bw+)$ $(ab+ bw+)$

گامت‌های نر

	++	+bw	ab+	ab bw
++	++ , ++ چشم سیاه	++ , +bw چشم سیاه	+ab , ++ چشم سیاه	+ab , +bw چشم سیاه
+bw	++ , bw+ چشم سیاه	++ , bwbw چشم قهوه‌ای	+ab , bw+ چشم سیاه	+ab , bwbw چشم قهوه‌ای
ab+	ab+ , ++ چشم سیاه	ab+ , +bw چشم سیاه	abab , ++ چشم صورتی	abab , +bw چشم صورتی
abbw	ab+ , bw+ چشم سیاه	ab+ , bwbw چشم قهوه‌ای	abab , bw+ چشم صورتی	abab , bwbw چشم صورتی

۴ صورتی : ۳ قهوه‌ای : ۹ سیاه : نسبت فنوتیپی

مربع پانت و نسبت فنوتیپی برای آمیزش ۲ ماهی کاراسین غاری مکزیکی چشم سیاه ناخالص bw^+ و ab^+

ژنهای وابسته به جنس

توضیحاتی که تا کنون داده شد درباره ژنهای بود که در درون کروموزومهای اتوزومی قرار داشته‌اند. اما تعدادی از ژنها بر روی کروموزومهای جنسی قرار دارند. به این سری از فنوتیپهای حاصل از این ژنها، ژنهای وابسته به جنس گفته می‌شود. وراثت ژنهای جنسی با اتوزومی متفاوت می‌باشد زیرا یکی از دو جنس نر یا ماده برای ژن مذکور هموگامتیک و دیگری هتروگامتیک می‌باشند ژنها وابسته به جنس در تعداد کمی از انواع ماهیان شناخته شده‌اند. بیشتر این ژنها مربوط به دو گونه گویی و ماهی پلاتی می‌باشد. فنوتیپهای وابسته به جنس که اکثراً مربوط به ژنهایی هستند که بر روی کروموزومهای X یا Y قرار دارند. اولین تحقیق در مورد ژنهای وابسته به جنس توسط مورگان (Morgan) انجام گرفت وی وقتی مگس سرکه نر چشم سفید را با مگس سالم چشم قرمز آمیزش داد در نسل F_1 همگی چشم قرمز بودند ولی در نسل F_2 تمام ماده‌ها چشم قرمز اما $1/2$ قرمز بودند. در این آزمایش الل نهفته در نرها فقط وجود داشته است.

۱- ژنهای وابسته به Y (Y Linked gene)

ژنهای مستقر در روی کروموزوم Y را هلندریک (Halandric) گویند. توارث این ژنها از پدر به پسر می‌باشد مگر در حالتی که کراسینگ اور رخ دهد. و هرگز در جنس ماده دیده نمی‌شوند.

مثال: ژن لکه داشتن (ماکولاتوس) در گویی است که الگوی رنگی لکه‌دار (وجود لکه سیاه روی باله پشتی و لکه قرمز روی بدن را کنترل می‌کند. Ymg علامت لکه‌داشتن و Y علامت فنوتیپ وحشی یا بدون لکه است. پس آمیزش‌های حاصل ماده خاکستری X نر لکه‌دار است.

ژنوتیپ	فنوتیپ
XX	ماده خاکستری
XYmg	نر لکه دار
XY	نر خاکستری

آمیزش حاصل از ماده خاکستری با نر لکه دار

گامت	گامت های نر لکه دار		
		X	Ymg
ماده خاکستری	X	XX ماده خاکستری	X Ymg نر لکه دار

۲- ژنهای وابسته به X

ژنهای که وابسته به جنس می‌توانند روی کروموزوم X قرار گیرند. روش فعالیت این ژنها به دو صورت غالب و مغلوب ساده می‌باشد.

مثال: رنگ آمیزی دم تیره و دم شفاف در ماهی گویی است. این فنوتیپ، توسط الل بارز X_{cp} و الل نهفته X_{ch} ایجاد می‌شوند. یک الل منفرد X_{cp} در هر دو جنس نر و ماده باعث ایجاد رنگ آمیزی دم تیره می‌شود. دم شفاف در ماهیان ماده الل X_{ch} باید در حالت خالص ($X_{ch} X_{ch}$) باشد. اما در جنس نر، یک الل منفرد X_{ch} ، باعث ایجاد این فنوتیپ ($X_{ch} Y$) می‌شود.

وراثت ژنها وابسته به X از الگوی زیگزاکی پیروی می‌کند یعنی پدر فنوتیپ دختر و ماده فنوتیپ پسر را تعیین می‌کند. پدر با فنوتیپ غالب فقط دختران با X مغلوب دارد. مادر با فنوتیپ مغلوب تمام پسران او فنوتیپ مغلوب دارند و اگر مادر فنوتیپ غالب داشته باشد آنگه بر حسب خالص و یا ناخالص بودن او، نیمی از پسران او با فنوتیپ غالب خواهند بود.

مثال: نتایج حاصل از آمیزش ماهی نر دم تیره با ماهی ماده دم شفاف بصورت زیر است.

		♀ دم شفاف × ♂ دم تیره	
		$(X_{ch}X_{ch})$	$(X_{cp}Y)$
		گامت‌های نر	
		X_{cp}	Y
گامت ماده	X_{ch}	$X_{ch}X_{cp}$ ماده دم تیره	$X_{ch}Y$ نر دم شفاف
		نسبت ژنوتیپی : $1 X_{ch}X_{cp} : 1 X_{ch}Y$	
		نسبت فنوتیپی : ۱ نر دم شفاف : ۱ ماده دم تیره	

۳- فنوتیپ‌های محدود به جنس

الل‌های وابسته به X از الگوهای ژنتیکی معینی پیروی می‌کنند اما فنوتیپ‌ها همواره از نسبت خاصی پیروی نمی‌کنند زیرا بسیاری از فنوتیپها وابسته به X یا برخی از فنوتیپهای اتوزومی، محدود به جنس هستند به صورتی که آن ژن فقط در یک جنس بروز می‌کند.

مثال: فنوتیپ ببری (وجود چند خط روی بدن) گویی توسط الل بارز وابسته به جنس X_{Ti} کنترل می‌شود. در شرایط عادی فنوتیپ ببری، صرف نظر از ژنوتیپ ماهیان ماده، در آنها تظاهر نمی‌یابد:

بسیاری از فنوتیپهای محدود به جنس برای بروز نیاز به تستونسترون دارند. بسیاری از ژنهای وابسته به جنس (X) در ماهی گوپی فنوتیپ های محدود به جنس ایجاد می کنند. افزودن متیل تستونسترون به آب و غذای ماهیان ماده امکان بروز این فنوتیپها را می دهند.

ژنوتیپ	فنوتیپ
XX	ماده خاکستری
XX _{Ti}	ماده خاکستری
X _{Ti} X _{Ti}	ماده خاکستری
XY	نر خاکستری
X _{Ti} Y	نر بیری

روشهای اصلاح نژاد در آبزیان

۱- تولید جمعیت تمام ماده^(۱)

هدف از انجام آزمایشات مربوط به تولید ماهیان تمام ماده این است که ماهی ماده جدا از کیفیت یا مرغوبیت بالای خود در بعضی از گونه ها از جمله **ماهیان خاویاری** نسبت به ماهیان نر ارزش بیشتری دارند و همچنین با استفاده از این تکنیک می توان ماهیان تمام ماده ای که از خصوصیات ژنتیکی بالایی برخوردارند، برای اصلاح نژاد استفاده کرد.

بلوغ جنسی در بسیاری از ماهیان از جمله آزاد ماهیانی چون **قزل آرای رنگین کمان** باعث کاهش رشد بدن می شود، زیرا انرژی که باید صرف تولید گوشت شود، به مصرف توسعه گنادها و بروز صفات ثانویه جنسی و رفتارهای تولید مثل می رسد کاهش کیفیت گوشت و وضعیت ظاهری بر اثر پدیده بلوغ جنسی نیز باعث کاهش ارزش محصول می شود. در قزل آرای رنگین کمان پدیده بلوغ جنسی در جنس نر خیلی زودتر از جنس ماده به وقوع می پیوندد (در جنس نر از ۶ ماهگی تا یک سالگی ولی در جنس ماده حداقل در ۱۸ ماهگی) و امکان بالغ شدن جنس نر طی عملیات پرورش بسیار بالا می باشد در حالی که جنس ماده در این دوره به ندرت بالغ می شود.

(۱)Gynogenesis

مزایای تولید جمعیت تمام ماده

استفاده از جمعیت های تمام ماده که به طرق مختلف تولید شده اند، می تواند باعث افزایش بازده تولید گردد (۴۲). یکی دیگر از مزایای تولید جمعیت های تمام ماده استفاده در آنها بعنوان گله مولد است. بویژه در مواردی که تعداد مولد ماده بیشتری نسبت به مولدین نسبت به مولدین نر نیاز باشد.

روشهای تولید جمعیت تمام ماده

تولید جمعیت تمام ماده با روشهای مختلف قابل انجام است. در گونه هایی مانند آزادماهیان که ماده ها هوموگامت (XX) هستند، برای تولید جمعیت تمام ماده از **ژینوژنز** استفاده می شود. اگرچه ماده زایی با این روش بر روی اکثر آزادماهیان با موفقیت انجام شده است ولی در ابعاد تجاری دارای مشکلاتی است که از جمله آن کاهش هتروزیگوتی (در نتیجه وراثت تک والدی) کاهش میزان لقاح و مشکلات خاص تیمار اسپرم می باشد. از دیگر راههای تولید جمعیت تمام ماده، استفاده از تیمار **هورمونی استروژن ها** قبل از تمایز جنسی است، اما ماهیان ماده ای که بوسیله تیمار هورمونی تولید می شوند از لحاظ قانونی در بسیاری از کشورها برای مصارف انسانی قابل استفاده نمی باشند و مصرف کنندگان نیز تمایلی به مصرف این محصولات ندارد. بنابراین یکی از بهترین راههای تولید جمعیت تمام ماده استفاده از تیمار غیرمستقیم هورمونی است. در این روش جمعیت های مورد استفاده برای مولد سازی در مراحل اولیه تکامل بوسیله هورمونهای آندروژنی تیمار می شوند و مولدینی که تولید می شوند از لحاظ عملکرد فنوتیپی مانند نرها هستند. اسپرم این ماهیان تنها حامل کروموزومهای X می باشد که در ترکیب با تخمک ماده های معمولی تولید جمعیت تمام ماده می نماید. به نرهایی که بدین طریق تولید شده اند نرهای تغییر جنسیت یا **Neomal** گفته می شود.

مکانیزم تولید جمعیت تمام ماده

در ژینوژنریس کروموزومهای جنسی نر دخالتی در تولید جنین ندارند و اسپرم نقش محرک برای ترکیب کروموزومهای سلول تخم با دومین گویچه قطبی را دارد تا سلول تخم ۲n تشکیل گردد. برای عقیم کردن اسپرم کروموزومهای آن را با تاباندن **Rad ۱۰۰۰۰۰ اشعه کبالت ۶۰** تخریب می کنند با این عمل فقط کروموزومهای اسپرم تخریب می گردند ولی حرکت و سایر خصوصیات آن به قوت خود باقی است. با چنین اسپرمی می توان تخم را بارور نمود. در این صورت اسپرم نقش محرک را دارد. برای عمل ژینوژنر تخم ماهی ماده را با اسپرم فاقد کروموزوم در حرارت ۲۲-۲۴ درجه با کمی محلول لقاح مخلوط می کنند، اسپرم وارد

سلول تخم می شود ولی به علت نداشتن مواد وراثتی نمی تواند با هسته تخم ترکیب شود، اکنون با عمل شوک سرد از جدا شدن دومین گویچه قطبی از سلول تخم جلوگیری می کنند. برای این منظور ۵ دقیقه پس از لقاح تخمها را به حرارت ۵ درجه سانتی گراد انتقال می دهند. در این صورت با شوک حاصله دومین گویچه قطبی از تخم جدا نمی شود. تخمها را یک ساعت در همان حرارت ۵ درجه نگه می دارند و در این مدت آنها را به هم می زنند تا چسبندگی تخمها بر طرف گردد. پس از یک ساعت درجه حرارت محلول لقاح با افزودن محلول لقاح معمولی به تدریج به ۲۲-۲۴ درجه سانتی گراد می رسد و پس از بر طرف شدن کامل چسبندگی تخمها را به انکوباتور منتقل می کنند. سلول تخم در آن حالت فقط کروموزوم های مادری را به همراه دارد و وراثتی نر در آن دیده نمی شود. سلول تخم اکنون ۲n کروموزوم دارد که n کروموزوم متعلق به تخمک و n کروموزوم متعلق به گویچه قطبی است این جنین صد در صد ماده است و لاروهای حاصل از آن تا ۹۵ درصد صفات بارز مادری را دارا می باشند، این عمل از نظر زمانی مساوی با هیبریداسیون ۱۴ نسل متوالی خواهر، برادر (نر و ماده حاصل از یک جفت مولد) است. بنابراین با عمل ژینوژنیزیس این راه را میان بر کردیم. در ادامه ما نیاز به ماهیان نرژینوژنز که صفات همین ماهی را به طور خالص داشته باشد داریم یعنی ما به ماهیان نری که کروموزومهای پدری و مادری داشته باشند نیاز نداریم. چون در آن صورت باز هم مواد وراثتی از یک ماهی دیگر وارد سیستم می شود. برای تولید ماهیان ژینوژنز نر بدین صورت عمل می کنیم. ابتدا ما از لاین مولد پدری یک ماهی ماده انتخاب می نماییم و با روش ژینوژنیزیس لاروهای ماده ژینوژنز تولید می کنیم. وقتی که لاروهای حاصله پس از ۴۰-۳۰ روز به اندازه ۲cm رسیدند آنها را با هورمون متیل تستسترون به نسبت ۱mg در هر کیلو غذا به مدت ۶۰-۵۰ روز تغذیه می کنیم. ظرف این مدت ماهیان ماده تغییر جنسیت داده و به نر تبدیل می شود. این عمل را Sex reversal یا تغییر جنسیت بوسیله هورمون گویند. ماهیان نر بدست آمده از نظر وراثتی همه ماده هستند. ولی از نظر شکل ظاهر و فنوتیپ نر می باشند و اسپرم آنها برای باروری تخم ماده مناسب است.

۴-۱-۲- نحوه تشخیص ماهیان تمام ماده

برای اطمینان کامل از میزان موفقیت تولید ماهیان تمام ماده بایستی ماهیان را از لحاظ جنسیت مورد بررسی فیزیولوژیکی قرارداد و بررسی نمود که آیا گنادهای جنسی ماده در ماهی دستکاری شده توسعه و تکامل می یابد و در صورتی رشد و تکامل گنادهای جنسی یا تخمدان یا ماهی ماده مثل ماهیان طبیعی قابلیت باروری و تخم دهی دارد یا خیر. در بعضی از ماهیان مثل ماهیان آکواریومی ماهی ماده علامت یا مشخصه ای در سطح بدن دارد مثل لکه سیاه در زیر باله پشتی و یا داشتن زائده خاص بر روی سطح بدن که خاص ماهی است. در این صورت به راحتی می توان جنسیت آن ماهی را تشخیص داده و درصد ماهیان تمام ماده را ارزیابی نمود. در ماهیانی که صفات ظاهری اختصاصی برای جنس ماده ندارند بایستی تا

رسیدن به بلوغ جنسی یا تمایز گنادها صبر نمود و سپس با استفاده از بیوپس یا تکه برداری از بافت جنسیت آنها را تشخیص داد. و یا با استفاده از روشهای مولکولی و یافتن مارکر یا شاخص خاص جنس ماده نسبت به تشخیص جنسیت آنها اقدام نمود. بنابراین برای کپور ماهیان حداقل یک تا دو سال و برای ماهیان خاویاری برای روش بیوپس حداقل ۲ تا ۳ سال پس از انجام آزمایشات ماده زایی می توان میزان موفقیت آن را اعلام نمود.

مثال:

۱- تولید جمعیت تمام ماده قزل آلی رنگین کمان^(۲) با استفاده از نرهای تغییر جنسیت یافته و بررسی پارامترهای رشد در سال اول پرورش

هدف از انجام این تحقیق بررسی امکان تولید ماهیان تمام ماده قزل آلی رنگین کمان با استفاده از نرهای تغییر جنسیت یافته (Neomal) تولید شده در ایران و ارزیابی روند افزایش رشد آنها در مقایسه با جمعیت مخلوط نر و ماده در سال اول پرورش در کارگاه شهید باهنر کلاردشت بود (طلا، ۱۳۸۰).

۲- تولید یک جنس ماده گوپی YY از طریق تغییر جنسیت با ترشحات داخلی و آزمون نتایج

تعیین جنسیت قبل از زایمان بوقوع می پیوندد. مکانیسمش این است که ماده ها جور گامت (هموگامت XX) و نرها ناجور گامت (هتروگامت XY) هستند. اما امکان این موضوع به اثبات رسیده که با دادن جیره غذایی مکمل با استروژن و یا آندروژن به ماده های باردار قبل از زایمان، می توان تعداد کافی از ماده های هترو گامت و یا نرهای جور گامت تولید نمود.

یک تکنیک دیگر برای تولید تجاری جمعیت تمام نر، تولید جنسهای ماده YY می باشد. هدف از این تحقیق تولید ماده های YY می باشد و روشهایی را برای تولید تعداد کافی از بچه ماهی YY ارائه می نماید.

یک جنس ماده^(۱) از طریق تغییر جنسیت با ترشحات داخلی و در پی آن، آزمون نتایج تولید شد. ماده های هتروگامت XY تولید شده با ترشحات داخلی با نرهای معمولی تلفیق داده شدند و متعاقباً با جیره محتوی استروژن بمدت ۱۰ تا ۵۰ روز قبل از بچه زایی تغذیه شدند تا ژنوتیپ آنها مشخص شود. یک ماهی دارای ژنوتیپ YY شناسایی گردید. و زمانیکه آن با نرهای تغییر جنس یافته XX تلفیق داده شد، فقط جنس نر تولید نمود.

(۱) Oncorhynchus mykiss

۲- تولید ماهیان تمام نر^(۳)

مکانیزم انجام آندروژنزیس تقریباً مشابه ژینوژنزیس است با این تفاوت که به جای اشعه دادن اسپرم در این بررسی تخمکها اشعه می بینند. و ژنوم های مادری از بین می روند مشکل اصلی در این روش بزرگ بودن سلول تخمک، وجود لایه های مختلف در اطراف تخمک و همچنین وجود زرده در حد واصل بین هسته و دیواره سلول تخمک، می باشد. پس به ناچار بایستی بر روی تخمک عملیاتی صورت پذیرد تا میزان تأثیرپذیری اشعه بر روی DNA که در هسته سلول قرار دارد بیشتر باشد.

برای این کار معمولاً با استفاده از مواد شیمیایی و محلولهای مختلف لایه ها و یا کوریون تخمک را از بین می برند. تا بتوانند میزان نفوذپذیری اشعه را افزایش دهند. با توجه به دشواری کار تا کنون مطالعات کمتری برای تولید ماهیان تمام نر در مقایسه با تولید ماهیان تمام ماده صورت گرفته است.

۳- ترپلوئیدی

اگر به هر علتی در تعداد سری کروموزومها تغییری ایجاد گردد و موجودات زنده و از جمله غالب ماهیان که در حالت طبیعی دارای ۲ سری کروموزوم (۲n) اصطلاحاً دیپلوئید می باشند، n کروموزوم دیگر اضافه شود به موجود حاصل ۳n کروموزوم یا اصطلاحاً ترپلوئید گفته می شود و اگر ۲n کروموزوم اضافه شود موجود حاصل (۴n کروموزومی) یا اصطلاحاً تتراپلوئید خواهد بود.

کلاً ایجاد ترپلوئیدی در ماهیان به دو روش القایی و غیر القایی امکان پذیر است.

۱- ترپلوئیدی غیر القایی (غیر مستقیم)

در این روش با آمیزش ماهیان تتراپلوئید ماده و دیپلوئید نر افراد ترپلوئید ایجاد می شود. مکانیزم آن بدین صورت است که چون اسپرم ماهیان نر تتراپلوئید نسبت به ماهیان دیپلوئید قدرت بارور کنندگی کمتری دارند و اندازه اسپرم آنها بزرگتر است. بنابراین در هنگام عبور اسپرم از روزنه میکروپیل ایجاد اشکال خواهد نمود. بنابراین در هنگام لقاح از نر دیپلوئید با ماده تتراپلوئید استفاده می شود.

$$4n_{\text{♀}} \times 2n_{\text{♂}} = 3n \text{ (عقیم)}$$

(۱) Androgenesis

۲- تریپلوئیدی القایی (مستقیم)

این روش بر اساس احتباس دومین گویچه قطبی پس از لقاح با بکار بردن شوکهای محیطی استوار می باشد. واز آنجایی که انجام شوکهای محیطی بسیار راحت تر و متنوعتر از سایر روشها می باشد، روش تریپلوئیدی القایی مستقیم نسبت به تولید مولدین تتراپلوئید با توجه به مشکلات آن و بازماندگی کم ارجح تر است. و در صورت بازماندگی هزینه بالا برای تولید مولدین آن (نسبت به روش تریپلوئیدی القایی) چندان مرسوم نیست.

انواع شوکهای مورد استفاده در القاء تریپلوئیدی

۱- شوک فشار هیدروستاتیک

اساس کار در این روش، ایجاد فشار بر روی تخمها در درون دستگاه مخصوصی است که میزان موفقیت در میزان بازده تریپلوئیدی به مدت زمان شوک دهی و زمان پس از لقاح و میزان فشار ایجاد شده بستگی دارد. روش کار بدین صورت است که تخمها در زمان معینی پس از لقاح وارد دستگاه مخصوصی می شود. این دستگاه دارای محفظه ای است که تخمها را در داخل آن می ریزند. سپس طبق برنامه از قبل تعیین شده هوا را از داخل محفظه خارج کرده و فشارمورد نظر ایجاد می گردد. در اینحالت تخمها بمدت معینی در معرض شوک فشار قرار گرفته و سپس فشار را بتدریج کم کرده و بقیه مراحل شستشوی تخم طبق برنامه عادی ادامه می یابد. میزان فشار ایجاد شده بسته به نوع ماهیان متفاوت است از مزایای این روش یکنواختی میزان فشار که تقریباً در همه تخمها به طور یکسان است. همچنین سهولت و ارزانی روش از مزایای آن محسوب می شود.

۲- شوک های شیمیایی^(۴)

(۱) Chemical shocks

(۲) Cytochalazin B

(۳) Colchicine

(۴) Polyethylen glycol

(۵) Nitros oxide

(۶) Formalin

از عوامل مؤثر در این روش غلظت مواد شیمیایی و زمان مناسب استفاده از آن پس از لقاح است. مکانیزم کار بدین صورت است که در هنگام لقاح فضای پریوتیلن تخمهای لقاح یافته که بین غشاء و تیلن و کوریون است از آب پر می شود. اگر به جای آب از مواد شیمیایی از قبیل سیتوکالازین B^(۲)، کلشی سین^(۳)، پلی اتیلن گلیکول^(۴)، اکسید نیتروژن^(۵) و فرمالین^(۶) و سایر فرآورده های مخصوص استفاده گردد آن مواد در فضای پریوتیلن باقی مانده و مانع از خروج جسم دوم قطبی می شود (۴۰ و ۴۳). چون اکسید نیتروژن در حالت طبیعی بصورت گاز است، بنابراین با استفاده از دستگاه فشار گاز را متراکم نموده و سپس در معرض آن قرار می دهند.

۳- شوک های دمایی

در این روش اساس کار بر مبنای القاء تریپلوئیدی در اثر احتباس دومین گویچه قطبی در مرحله دوم تقسیمات دوم میوز تخمهای لقاح یافته می باشد به همین دلیل زمان پس از لقاح بسیار حائز اهمیت است. اساسی ترین عامل در این روش عبارتند از زمان مناسب شوک دهی (پس از لقاح)، مدت زمان شوک دهی تخمها و همچنین میزان درجه حرارت مناسب. معمولاً در مورد ماهیان هر دو نوع شوک سرمایی و گرمایی استفاده می شود ولی شوک های گرمایی برای ماهیان سردآبی و شوکهای سرمایی برای ماهیان گرمابی تأکید شده است.

مکانیزم کار بدین صورت است که تخمهای لقاح یافته را در زمان مناسب و قبل از خروج جسم دوم قطبی از سلول تخم وارد حمام شوک نموده و پس از مدت معین که از قبل تعیین شده، تخمها را از حمام خارج کرده و طبق روشهای متداول، شستشوی تخم ادامه می یابد.

مشکلات روشهای استفاده از شوکهای دمایی عبارتند از:

الف) عدم ثبات در نتایج حاصله از تخمهای ماهیان در مولدهای متفاوت به عبارتی اگر از چند مولد سری تخم استحصال گردد و تخمها در معرض یک نوع شوک دمایی قرار گیرند، نتایج یکسانی در میزان پلوئیدی ایجاد نمی شود.

ب) کاهش میزان بازماندگی لاروها و ایجاد بد شکلی و ناقص الخلقه در آنها

ج) ایجاد نوسانات در دمای مورد استفاده در حین انجام کار (مشروط بر اینکه از سرد کننده یا گرم کننده یا ترموستات دار استفاده شود).

د) امکان وقوع حالت هاپلوئیدی در نوزادان حاصله که می تواند عاملی در کاهش بازماندگی لاروها محسوب شود.

۴- شوک الکتریکی دمایی^(۵)

این روش سابقه زیادی نداشته و فقط خلاصه گزارش از تسکردزیک Teskredzic و همکارانش ۱۹۹۳ موجود است و بیان شده که بهترین میزان تریپلوئیدی در ماهی آزاد کوهو با شوک الکتریکی با جریان متناوب بمدت ۱۰ دقیقه در ۲۶ درجه و ۴۰ دقیقه بعد از لقاح بدست می آید.

مکانیزم القاء تریپلوئیدی

سلول اسپرم یا اسپرماتوزوئید در طی مراحل و فرآیند اسپرماتوژنز که از سلولهای بیضه ها ساخته می شوند از یک طرف و سلول تخمک از طرف دیگر در ماهیان ساخته شده و در لقاح خارجی، امکان بسیار مناسبی را برای کلیه دستکاریهای کروموزومی فراهم می سازند. بطوریکه زمینه بسیار متنوعی از کارهای ژنتیکی به همین دلیل محقق شده است تخمکهای رسیده که به حفره تخمدان رها می شوند فقط اولین مرحله تقسیم میوز را طی کرده اند. دومین مرحله تقسیم میوز با وارد شدن اسپرماتوزوئید شروع و با جابجا شدن دومین گویچه قطبی خاتمه می یابد. اسپرماتوزوئیدی که از طریق سوراخ میکروپیل وارد سلول تخمک می شود موجب یک سلسله فعل و انفعالات از قبیل:

۱- جابجا شدن گویچه دوم قطبی ۲- تشکیل پیش هسته در تخمک که دارای n کروموزومی می باشد ۳- بهم پیوستن پیش هسته تخمک با پیش هسته اسپرم که هر کدام دارای n کروموزوم می باشد و تشکیل اولین یاخته ماهی جدید با تعداد $2n$ کروموزوم، در حالت طبیعی در اثر فعالیت‌های حاصل از میوز II دومین گویچه قطبی که دارای یک هسته n کروموزومی است از سلول تخم خارج شده و سلول تخم خارج شده و سلول تخم حاصله دیپلوئیدی است یعنی n کروموزوم از مادر و n کروموزوم از پدر دریافت کرده است. حال اگر در زمان مناسب پس از لقاح و قبل از خروج دومین گویچه قطبی شوک های دمایی و با فشار هیدروستاتیک و غیره بر روی تخمهای لقاح یافته در زمان شستشوی تمها صورت گیرد از خروج دومین گویچه قطبی که دارای n کروموزوم است جلوگیری شده و ما حاصل کار سلول تخم $2n$ کروموزومی است که n کروموزوم آن مربوط به سلول تخم و n کروموزوم دیگر آن مربوط به دومین گویچه قطبی می باشد و اگر همین تخم $2n$ کروموزومی با اسپرم n کروموزومی لقاح یابد سلول تخم جدید دارای $3n$ کروموزوم بوده که به آن تریپلوئید اطلاق می گردد.

(۱)Heat_electro shock

مزایای تولید و پرورش ماهیان تریپلوئید

۱- عقیم بودن ماهی

۲- افزایش گوشت به جای اندام تناسلی

حالت اول:

امروزه از روشهای متفاوت برای ایجاد جمعیت‌های عقیم، تمام نر و تمام ماده دو رگه استفاده می‌شود. امروزه بهترین روش بمنظور عقیم سازی در ماهیان، تریپلوئیدی در آنها می‌باشد.

برای تمام گونه‌هایی که بخواهیم به نحوی از تکثیر طبیعی آن در اکوسیستم‌های آبی جلوگیری کنیم لازم است که ماهیان را تریپلوئید کرده و سپس مبادرت به رهاسازی در آبهای طبیعی نماییم (مثل ماهی کپور و تیلاپیا).

ماهیان تریپلوئید به دلیل افزایش یک دسته کروموزومی در تعداد کروموزومهای خود $3n$ کروموزومی محسوب گردیده و بواسطه اختلال در تقسیم میوز به هنگام گامتوزنز عقیم تلقی می‌شوند (روشهای دیگری نیز برای عقیم سازی در ماهیان وجود دارد، از جمله برداشتن غدد جنسی، استفاده از هورمون‌ها و اشعه دان).

حالت دوم:

تولید ماهیان سریع‌الرشد و اعتقاد بر این است که ماهیان عقیم از سرعت رشد بالاتری برخوردار هستند. بعلاوه درصدی از انرژی ماهیان عقیم که بایستی صرف رشد و تکامل ارگانهای تناسلی می‌شد تبدیل به پروتئین و رشد می‌گردد که در تعداد زیادی از ماهیان پرورشی خود رقم قابل توجهی را شامل می‌شود. از همه مهمتر اینکه ماهیان تولید شده عقیم هستند شانس هیبرید شدن با گونه‌های بومی ندارند که از لحاظ جنبه زیست محیطی بسیار حائز اهمیت است. در آزاد ماهیان دریایی که در فصل تولید مثل به آبهای شیرین مهاجرت می‌نمایند و پس از تخم‌ریزی می‌میرند در صورت تریپلوئید شدن به علت عدم تخم‌ریزی در فصل تولید مثل زنده مانده و به رشد خود ادامه خواهند داد بنابراین برای پرورش دریایی مناسبتر بنظر می‌رسند. با استفاده از این تکنیک از مرگ و میر بالا و کاهش مقدار رشد به ویژه در ماهیان نر در آب دریا جلوگیری می‌شود.

چگونگی اثبات تریپلوئیدی

از آنجایی که اصولاً تریپلوئیدی در شکل ظاهری ماهیان تأثیر چندانی تا مرحله قبل از بلوغ ندارد نمی‌توان از روی ظاهر ماهیان و یا معیارهایی از قبیل درصد ناهنجاری و تلفات و... به تعیین درصد تریپلوئیدی پرداخت.

روشهای بسیار گران و طولانی و همچنین روشی ساده در کنار هم برای تشخیص تریپلوئیدی بکار می روند که در اینجا به چند روش قابل اجرا و قابل دسترس که در شرایط مراکز آزمایشگاهی امکان پذیر است اشاره می شود و از سایر روشها بصورت خلاصه تر یاد می گردد.

۱- اندازه گیری مساحت و حجم سلولی و هسته ای گلبولهای قرمز

این روش یکی از از عمومی ترین شیوه های تعیین میزان سطوح تریپلوئیدی در ماهیان مورد آزمایش می باشد زیرا از نظر عملی بین افزایش تعداد کروموزومها از $2n$ به $3n$ و افزایش حجم و مساحت سلول و هسته رابطه منطقی حاکم می باشد (۴۶) زیرا میزان مواد ژنتیکی، DNA و در نهایت تعداد کروموزومها در درون هسته سلول افزایش یافته است. اما از آنجایی که محدوده سنجش گلبولهای قرمز در ماهیان دیپلوئید و پلی پلوئید غالباً همپوشانی داشته و این امر موجب کاهش دقت در تعیین صحیح درصد پلوئیدی می گردد به همین دلیل جهت استفاده از این روش می بایست دقت آن نیز به لحاظ آماری مشخص گردد.

۲-۳-۶-۲- بررسی تعداد کروموزومها

بررسی تعداد کروموزومها در تشخیص ماهیان تریپلوئیدی یکی از متداولترین و مطمئن ترین روشهای آزمایشگاهی است. جهت مشخص نمودن تعداد کروموزومها می بایست از ماهیان گسترش کروموزومی تهیه نماییم. که به روش زیر عمل می شود:

الف) روش مستقیم

الف ۱- تهیه گسترشهای کروموزومی در مرحله جذب کیسه زرده و جنینی تخمها
الف ۲- تهیه گسترشهای کروموزومی در مرحله انگشت قدی و ماهیان بزرگتر.

ب) روش غیر مستقیم

گسترش متافازی از طریق کشت لوکوسیتها

این روش دارای مزیت نسبی بالایی بوده زیرا به ماهی آسیب نمی رسد و در مورد نمونه های کمیاب و یا محدودیتهای تهیه نمونه بسیار مفید است. اما بر عکس روشهای قبلی برای رشد سلولهای خونی نیاز به مدت زمان طولانی ترمی باشد و از طرفی رشد نیاز به محیط کشت و یا کیتهای خاص گسترش کروموزومی می باشد. اساس کار کشت گلبولهای سفید برای مطالعات کروموزومی به شرح زیر است:

۱- تهیه محیط کشت ۲- استحصال خون ۳- کشت لوکوسیتها ۴- انکوباسیون ۵- افزایش کلشی سین و انجام سانتریفیژ ۶- تهیه لام و رنگ آمیزی ۷- مشاهده اسلایدها.

مروری بر تاریخچه القاء تریپلوئیدی در ماهیان

اولین تولید آزمایشی ماهیان تریپلوئید به وسیله شوک سرمایی و روی کپور معمولی انجام شد. القاء تریپلوئیدی در قزل آلی رنگین کمان برای نخستین بار در سال ۱۹۶۴ توسط لایدر آلمانی و بوسیله کلشی سین انجام پذیرفت و نخستین شوک گرمایی بر روی این ماهی در سال ۱۹۸۰ توسط شاروت فرانسوی به انجام رسید.

در ایران اولین بار القاء تریپلوئیدی در ماهی آمور بوسیله شوک سرمایی توسط مرحوم پروانه در سال ۱۳۷۱ عملی شد. در سال ۱۳۷۶ القاء تریپلوئیدی در ماهی کپور معمولی از طریق شوکهای دمایی توسط خمیرانی انجام پذیرفت. القای تریپلوئیدی در ماهی کپور علفخوار^(۶) بوسیله شوکهای حرارتی در سال ۱۳۷۹ توسط حسن زاده صابر انجام گرفت.

۴- بهگزینی^(۷)

بهگزینی نوعی برنامه اصلاح نژادی است که در آن افراد یا خانواده به منظور تغییر میانگین جمعیت در نسل بعد مورد انتخاب واقع می شوند. بهگزینی بر مقادیر حداقل کارایی یا توان^(۲) می باشد. بطوریکه ماهیانی که از حداقل کارایی بالاتر باشند بهگزینی و نگهداری خواهند شد و از آنها به عنوان ذخیره ماهیان مولد استفاده می گردد. ماهیانی که پایین تر از مقادیر حداقل کارایی قرار گیرند حذف خواهند گشت. بهگزینی در مورد فنوتیپهای کمی به علت تعدد ژنهای دخیل در آنها و نیز اثرات محیطی دشوارتر از فنوتیپهای کیفی است.

وراثت پذیری^(۳)

دانستن مقدار نسبی V_A (واریانس ژنتیکی افزایشی) حائز اهمیت است. زیرا بوسیله آن می توان میزان مؤثر بودن بهگزینی را پیش بینی نمود. مقدار نسبی V_A برای هر فنوتیپ کمی از این نظر نیز اهمیت دارد که از ارزشمندترین پایه های اطلاعاتی قابل استقرار یک جمعیت است. مقدار نسبی V_P (واریانس فنوتیپی) که

(۱) *Ctenopharyn godon idella*

(۱) Selection

(۲) Performance

(۳) Heritability

بوسیله V_A کنترل می گردد، وراثت پذیری نامیده می شود. به عبارت دیگر در صدی از واریانس فنوتیپی که بوسیله واریانس ژنتیکی افزایشی کنترل می شود.

$$h^2 = V_A / V_P$$

از آنجایی که مقدار h^2 برای یک فنوتیپ کمی معین می باشد می توان با استفاده از فرمول زیر پاسخ بهگزینی را پیش بینی نمود. $R = sh^2$ که R عبارت است از پاسخ در هر نسل و s اختلاف بهگزینی. اگر $h^2 = 1$ باشد آنگاه $R = s$ می شود و اگر $h^2 = 0$ باشد آنگاه $R = 0$ خواهد بود. تغییر مقدار وراثت پذیری بین ۰ تا ۱ عدد صفر و یک امکان افزایش یا کاهش مقدار نسبی فاصله بهگزینی را ایجاد می کند. اگر $h^2 = 1$ باشد در نتیجه صفت مورد نظر تماماً بوسیله عوامل ژنتیکی کنترل می شود و محیط هیچ نقشی ندارد و اگر $h^2 = 0$ باشد محیط عامل اصلی تعیین کننده در وراثت صفت است.

فنوتیپها دارای مقادیر وراثت پذیری ۰/۲۵ یا بیشتر از آن می توانند به وسیله بهگزینی به طور مؤثری تغییر نمایند. از طرفی دیگر فنوتیپهای دارای مقادیر وراثت پذیری معادل ۰/۱۵ و یا کمتر از آن به سادگی بوسیله بهگزینی تغییر نمی کند. عدد خاصی برای h^2 که بالاتر از آن بهگزینی مؤثر باشد وجود ندارد اما هر قدر h^2 بزرگتر باشد تغییر میانگین جمعیت بوسیله بهگزینی آسانتر خواهد بود. علت دشوار بودن تغییر یک فنوتیپ دارای h^2 کوچک توسط بهگزینی آن است که امکان دارد این کار قبلاً توسط طبیعت انجام شده باشد باید توجه داشت که وراثت پذیری ها تغییرناپذیر نیستند و مقدار آنها می تواند به چندین علت تغییر کند که مهمترین آنها تغییر فراوانی ژنهاست.

برنامه های بهگزینی یا انتخاب

هنگامی که به منظور بهره برداری از V_A یک جمعیت جهت افزایش توان تولید تصمیم به استفاده از یک برنامه بهگزینی گرفته می شود باید مشخص گردد که کدام یک از برنامه های بهگزینی بهترین نتایج را بدست خواهد داد تمام این روشها کاربردهای خاص خود را داشته و در تکامل طبیعی و یا اصلاح نژاد حایز اهمیت می باشد.

۱- عدم بهگزینی^(۸)

هر گاه یک مدیر کارگاه تکثیر ماهیان خود را دستکاری می نماید، بهگزینی غیر عمدی روی خواهد داد. مدیران کارگاههای تکثیر و کارگرانی که ماهیان را تکثیر می کنند به طور ناخود آگاه ماهیان درشت تر و

(۸) No selection

ماه‌یانی که در زمان تخم‌کشی آماده و بارور باشند و ماه‌یانی که خصوصیات ثانویه جنسی واضحی دارند را برمی‌گزینند.

برای جلوگیری از به‌گزینی ناخواسته باید چند عمل انجام پذیرد:

- ۱- از ماهیان در تمام طول فصل تکثیر تخم‌کشی شود.
- ۲- از ماهیان با اندازه‌های مختلف تخم‌کشی به عمل آید.
- ۳- از هر تعداد ماهی که ممکن باشد تخم‌کشی شود باید توجه داشت که نیازی به نگه داشتن تمام تخم‌های مربوط به تخم‌کشی نیست.
- ۴- ماهیان کم‌رشد یا ماه‌یانی که دارای صفات ثانویه جنسی ضعیف و غیره باشند حذف نشوند.
- ۵- لازم نیست که از تمام ماهیان موجود در یک جمعیت تخم‌کشی شود بلکه یک نماینده از هر گروه از ماهیان کفایت می‌کند.

۲- به‌گزینی جهت دار^(۹)

اگر تمایل به بهبود وضعیت تولید یا تغییر میانگین جمعیت باشد در زمانی که هدف و نقشه کاملاً مشخص است در این حالت از این روش استفاده می‌شود. در این حالت می‌توان میانگین فنوتیپی را متناسب با اهداف مورد نظر افزایش یا کاهش داد. برای مثال ممکن است افزایش متوسط وزن و متوسط طول مد نظر باشد و یا اینکه متوسط تبدیل غذا و یا متوسط درصد چربی بدن کاهش پیدا کند معمولاً از به‌گزینی جهت دار برای تغییر فنوتیپ‌های جمعیت ماهیان در جهت مطلوب تولیدی استفاده می‌شود. شخص عامل باید اهداف مشخص خود را طوری اتخاذ نماید که بتواند آنچه سعی در به انجام رساندن آن را دارد از نظر کمی ارزیابی کند.

اهداف یک برنامه به‌گزینی شامل همه مواردی است که برای شخص عامل مطلوب می‌باشد به عنوان مثال برای یک پرورش دهنده ماهیان ورزشی ممکن است ماهیان با قابلیت صید بیشتر یا ماهیان دارای قابلیت صید کمتر، باقی ماندگی رشد و ... مطلوب شمرده شود. در حالیکه یک پرورش دهنده ماهیان خوراکی ممکن است خواهان رشد بیشتر، مقاومت بیشتر در مقابل بیماری‌ها، ضریب تبدیل غذایی کمتر و ... باشد. همچنین اهداف باید واقع بینانه باشد. به‌گزینی برای فنوتیپ‌های ناشی از عمل کرد محیط یا مدیریت نیز بیهوده خواهد بود در این حالت اختلافات موجود بین افراد بیش از آنکه ناشی از عمل کرد V_A باشد ناشی از V_E (واریانس ژنتیکی محیط) است. برای مثال به‌گزینی برای افزایش میزان رشد در طی دوماه اول زندگی

(۹) Directional selection

احتمالاً با شکست مواجه خواهد شد زیرا میزان رشد اولیه عمدتاً ناشی از عمل کرد V_E می باشد و از عمل کرد V_A منشأ نمی گیرد. هنگام اندازه گیری یک فنوتیپ سنجش صحیح آن صفت اهمیت زیادی دارد و اگر مدیران کارگاهها بخواهند فنوتیپهایی که اندازه گیری آنها ساده بوده و همبستگی زیادی با فنوتیپش مورد نظر دارند به سادگی به منظور خود برسند.

۳- بهگزینی متوالی^(۱)

برای تغییر دادن ۲ یا چند فنوتیپ باید یکی از انواع برنامه های اصلاح نژاد مبتنی بر بهگزینی را انتخاب می کنیم. ساده ترین این برنامه ها بهگزینی متوالی می باشد در این بهگزینی ابتدا طی چند نسل در مورد یکی از فنوتیپها بهگزینی صورت می گیرد تا در مورد آن فنوتیپ نتیجه دلخواه بدست آید.

سپس بهگزینی را برای فنوتیپ دوم انجام داده تا در مورد این فنوتیپ نیز هدف مورد نظر حاصل گردد برای فنوتیپ سوم یا چهارم نیز می توان همین روش را ادامه داد متأسفانه کارآیی بهگزینی متوالی به دو علت بسیار کم است:

- ۱- این روش برای بهبود دو یا چند صفت به زمان زیادی نیاز دارد.
- ۲- انجام بهگزینی برای یک صفت خودبخود باعث انجام بهگزینی برای سایر صفات نیز می شود مگر اینکه همبستگیهای بین این صفات صفر باشد.

اگر دو فنوتیپی که در صدد تغییر آنها هستیم با یکدیگر همبستگی منفی داشته باشند با افزایش میانگین یک فنوتیپ، میانگین فنوتیپ دیگر کاهش خواهد یافت. همچنین ممکن است در هنگام بهگزینی برای فنوتیپ دوم تمام بهگزینی قبلی خنثی شود برای مثال در تحقیقی ماهیان قزآلای رنگین کمانی را بهگزینی نموده اند که به جای ۳ یا ۴ سالگی در سن ۲ سالگی می شدند ولی پی بردند که به ماهیان بهگزیده دارای میزان رشد پایین تری بوده و نیز تعداد کمتری تولید می نمایند.

(۱) Tandom selection

۴- حذف مستقل^(۱۱)

برنامه بهگزینی حذف مستقل هنگامی است که بخواهیم برای دو یا چند فنوتیپ به طور همزمان بهگزینی انجام دهیم در این حالت برای هر فنوتیپ مقادیر حداقل کارآیی را اتخاذ نموده و هر ماهی برای بهگزین شدن باید از تمام این مقادیر حداقل بگذرد. کارآیی روش حذف مستقل از روش بهگزینی متوالی بیشتر است اما دارای دو عیب نیز می باشد:

- ۱- اینکه در این روش یک ماهی برای بهگزین شدن باید در تمام فنوتیپها برجسته باشد، این به آن معنی است که یک ماهی از نظر یک فنوتیپ دارای مقدار بزرگ ولی از نظر فنوتیپ دیگر متوسط باشد حذف خواهد گردید. این موضوع ممکن است باعث حذف برخی از آللهای ارزشمند شود.
- ۲- چنانچه بهگزینی برای چند فنوتیپ انجام شود و مقادیر حداقل در مورد هر یک از آنها به طور مستقل از بقیه تعیین شود امکان دارد که فقط مقدار کمی از ماهیان را بتوان نگه داشت.

۵- شاخص بهگزینی^(۱۲)

هنگامی که بهگزینی به طور همزمان برای ۲ یا چند فنوتیپ انجام شود، روش شاخص بهگزینی کارآمدترین برنامه بهگزینی می باشد. زیرا در این روش تمام فنوتیپها وارد فرمولی می شوند که برای هر ماهی یک ارزش عددی کلی را ایجاد خواهد کرد سپس ماهیان براساس نمرات آنها بهگزینی می شوند. ارزش عددی یک ماهی با فرمول زیر تعیین می شود:

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + b_3x_3 + \dots + b_nx_n$$

I = نمره یک فرد

b_1 تا b_n = ضرایب رگرسیون چندگانه

x_1 تا x_n = فنوتیپهای فرد

ضرایب b از روی مقادیر h^2 (توارث پذیری) ضرایب همبستگی و اهمیت اقتصادی فنوتیپها بدست می آید. یکی از اهداف نهایی هر برنامه اصلاح نژادی بکارگیری روش شاخص بهگزینی است، زیرا این روش کارآمدترین راه برای افزایش توان تولید می باشد.

تمام این برنامه ها براساس لیاقت فردی هستند و به نام بهگزینی انبوه^(۱۳) یا بهگزینی فردی^(۱۴) نامیده می شوند. در این روش هر ماهی بدون توجه به خانواده آن با سایر ماهیان مقایسه شده و از بهترین آنها به

(۲) Independent calling interrats

(۱) Selection index

عنوان ذخیره ماهیان مولد برای نسل بعد استفاده می شوند. بهگزینی فردی در صورتی دارای کارایی خواهد بود که مقدار h^2 بزرگ باشد. هنگامی که مقدار h^2 کوچک باشد بهگزینی فردی برای تغییر میانگین جمعیت روش کارآمدی نخواهد بود. هرگاه فنوتیپهای موردنظر به قدری ارزشمند باشد که بهبود آن اهمیت فوق العاده داشته باشد، برای تغییر میانگین جمعیت استفاده از بهگزینی خانوادگی^(۱۵) می تواند کارآمدتر از بهگزینی فردی واقع شود. بهگزینی خانوادگی مشابه بهگزینی فردی است، با این تفاوت که در آن بجای مقادیر فردی، میانگین های خانوادگی مقایسه می گردد و کل خانواده بهگزین یا حذف می شود. هنگامی که h^2 کوچک باشد بهگزینی خانوادگی کارآمدتر از بهگزینی فردی است زیرا در بهگزینی خانوادگی با اندازه گیری فنوتیپ افراد یک خانواده اجزای غیر قابل بهره برداری واریانس کاهش می یابد.

بهگزینی خانوادگی فقط هنگامی به کار گرفته می شود که برای یک فنوتیپ خاص V_A وجود داشته باشد اما در صورتی که V_A وجود نداشته باشد هیچ یک از روشهای بهگزینی فردی و خانوادگی قادر به تغییر فنوتیپ مورد نظر نخواهد بود.

بهگزینی خانوادگی به چند صورت انجام می شود:

- ۱- بهگزینی خانواده ها^(۱۶) بهترین خانواده ها انتخاب می شوند.
- ۲- بهگزینی داخل خانواده ها^(۱۷) بهترین فرد خانواده ها انتخاب می شوند.
- ۳- ترکیبی^(۱۸) ترکیب دو روش قبلی است.

۵- آمیخته گری^(۱۹)

هنگامی که V_A وجود ندارد و یا در صورت وجود مقدار آن کم باشد بهبود کیفیت فنوتیپ توسط بهگزینی مشکل و یا غیرممکن است در این صورت برای افزایش توان تولید از روش دیگری از اصلاح نژاد بنام

(۲) Mass selection

(۳) Individual selection

(۱) Family selection

(۲) Between family selection

(۳) Within family selection

(۴) Combined

(۱) Out breeding

دورگه گیری^(۲۰) یا آمیخته گیری^(۲۱) استفاده نمود. دورگه گیری توان تولید را با استفاده از V_D (واریانس غالبیت Dominance) افزایش می دهد. V_D در طی تقسیم میوز منقطع گردیده و نمی تواند از والد به فرزند منتقل گردد. و در هر نسل دوباره و با آرایشی جدیدی بوجود می آید و اثرات آن اساساً مبنی بر تصادفی است. ماهیان برتر به دلیل آرایش تصادفی آللهای تصادفی آللهای خاص برتر هستند و متأسفانه این ماهیان نمی توانند برتری خویش را به فرزندان فرد انتقال دهند بنابراین هدف یک برنامه آمیخته گیری شناختن آمیزش در بین والدین است که موجب ایجاد ترکیبی از آللهای شود که همکاری آللی مطلوب را در فرزندان بوجود آورد. در نتیجه چنین آمیزشی توان تولید افزایش خواهد یافت. V_A و V_D کاملاً مخالف یکدیگر هستند. بنابراین بهگزینی و آمیخته گیری نیز کاملاً مخلف یکدیگر می باشند. در بهگزینی انتخاب ماهیان بر اساس لیاقت فردی یا خانوادگی به این امید انجام می شود که نسل بعد تقریباً نزدیک به افراد بهگزیده باشد. اما در آمیخته گیری نسل بعد الزاماً نزدیک به مولدین نمی باشد و نتیجه یک آمیزش را بجز در مواردی که آن آمیزش قبلاً انجام شده باشد نمی توان پیش بینی نمود.

اهداف آمیخته گیری

- بهره برداری از هتروزیس: در اثر آمیخته گیری معمولاً نتاج از میانگین بالاتری نسبت به والدین برخوردارند. اما هتروزیس تولید شده ناپایدار است و در نسل بعد به دلیل تفرق ژنها از مقدارش کاسته می شود. به همین علت والدین آمیخته ها را از بین رگه های بشدت همخون انتخاب می کنند و از آمیخته های حاصل به منظور اهداف تجاری و اقتصادی استفاده می کنند.
- افزایش سازگاری و توان فرد: در اثر آمیخته گیری و تنوع ژنوتیپی حاصل درجه شایستگی افزایش می یابد و در نتیجه تحمل فرد در برابر تنوع عوامل محیطی کاهش می یابد.
- بهبود صفات: به منظور اصلاح نژادهای بومی و بهبود صفات نژادی از آمیخته گیری به همراه انتخاب بهره می برند. با اجرای یک سیستم دقیق آمیخته گیری می توان از طریق وارد کردن ژنهای یک نژاد مطلوب به نژادهای در حال اصلاح، صفات خاصی را بهبود بخشید. البته انتخابهای دقیق در آمیخته ها می بایست صورت گیرد، چون در این سیستم درصد تغییر خصوصیات نژادی نیستیم بلکه هدف تنها یک یا چند صفت است.

(۲) Hybridization

(۳) Cross breeding

- تولید نژادهای جدید: در این مورد بر اساس هدف مورد نظر وابسته به شرایط محیطی و اقتصادی موجود نژادهائی سنتز می شوند. بدین منظور تلاقی های کنترل شده بین دو یا چند نژاد صورت می گیرد و دورگه های حاصل نسبتهای متفاوتی از خصوصیات هر نژاد را بدست می آورند. آمیزشها همراه با انتخابهای دقیق و شدید می بایست انجام گیرد. پس از تکمیل برنامه های آمیخته گری به منظور تثبیت خصوصیات مورد نظر از آمیزشهای خویشاوندی استفاده می کنند.
- شکستن همبستگی بین دو صفت: اغلب دیده می شود که دو یا چند صفت همبستگی منفی دارند به منظور بهبود همزمان چنین صفاتی، انتخاب دشوار و پیچیده است. اما با آمیزش بین دو نژاد که از نظر صفات مورد نظر مطلوب هستند، می توانیم دورگه هائی که نسبت به هر والد برتری دارند تولید کنیم. در خصوص صفات کمی آمیزشها همراه با انتخاب انجام می شوند. بهبود دو صفت بطور همزمان چندین نسل طول می کشد.

طراحی برنامه آمیخته گری

کلاً آمیزش منجر به ماهیان برتر اساساً تصادفی است اما با طراحی منطقی می توان احتمال دستیابی به آن را افزایش داد. برای این کار باید به درخت تکامل نژادی ماهیان توجه نمود. اگر گونه های مورد نظر از یکدیگر فاصله داشته باشند بطوری که متعلق به خانواده و یا راسته های متفاوتی باشند احتمال موفقیت بسیار کم خواهد بود. برای مثال دورگه گیری از کپور معمولی و قزل آالی رنگین کمان منطقی نیست. اساساً دورگه گیری از گونه های یک خانواده مناسب تر بوده و احتمال موفقیت در دورگه گیری از گونه های مربوط به یک جنس بالاتری باشند. یکی از اطلاعات مهم و کوچکی که اغلب می توانند عمل بودن یک آمیزش را در بین دو گونه را مشخص نمایند. کاریوتیپ (تعداد کروموزوم ها و اندازه نسبی و مورفولوژی کروموزومها) گونه های مورد نظر است، آمیزش بین گونه هایی که تعداد کروموزومهای آن مساوی نیست به ندرت موفقیت آمیزشها می باشد. اگر یک گونه در اسفند و گونه دیگر در خرداد تخم ریزی نمایند در این حالت بوجود آمدن ماهیان دورگه مشکل خواهد بود. مگر اینکه بتوان گامت های ماهیان را با استفاده از سرما و انجماد نگهداری کرد.

طبقه بندی دورگه گیری

۱- بین جنسها: در سطوح بالاتر از گونه بین جنسها^(۲۲) صورت می گیرد. به عنوان مثال دورگه گیری بین ماهی سیم از جنس^(۲۳) و ماهی سفید از جنس^(۲۴) و یا ماهی^(۲۵) و با ماهی^(۲۶).

(۱) Inter generic hybridization

۲- بین گونه ای: در سطح پایین تر بین گونه ها^(۲۷) دورگه گیری دو ماهی سالمون با یکدیگر.
۳- درون گونه ای: حالت دیگر از دو رگه گیری^(۲۸) می باشد. که خود می تواند در ۳ سطح انجام پذیرد:

- در سطح نژاد^(۲۹): کپور معمولی آسیایی و کپور معمولی
- در سطح سویه^(۳۰)
- در سطح دودمان^(۳۱)

عوامل تأثیر گذار در میزان موفقیت دورگه گیری ها:

- ۱- قرابت فیلوژنیک^(۳۲)
- ۲- قرابت بیولوژیک^(۳۳)
- ۳- قرابت فیزیولوژیک^(۳۴)
- ۴- قرابت کاریولوژیک^(۳۵)

اگر یکی از گونه ها در آبهای جاری و دیگری در آبهای ساکن تخم ریزی نمایند گامت ها هرگز به یکدیگر برخورد نخواهند داشت دورگه گیری پایین تر از سطح گونه بیشترین احتمال موفقیت را در بر خواهد داشت. بسیاری می پندارند که در نتیجه دورگه گیری بین گونه ای (از دو گونه) ماهیان دورگه بهتری

(۲)Abramis

(۳)Rutilus

(۴)Huso huso

(۵)Acipenser

(۶) Inter specific h.

(۷)Intera specific h.

(۸)Breed

(۹)Strain

(۱۰)Line

(۱)Phylogenic

(۲)Biologic

(۳)Physiologic

(۴)Karyologic

نسبت به دورگه گیری داخل گونه ای (داخل یک گونه) ایجاد می شود. در حالی که چنین نیست زیرا چگونگی کیفیت ماهیان دورگه در حقیقت امری تصادفی است. در انجام آمیزش ها باید آمیزش های متقابل را نیز انجام داد.

آمیزش های متقابل عبارتند از:

آمیزش ممکن بین دو گروه از ماهیان مثلاً ماهی نر **B** با ماهی ماده **A** و در دفعه بعد ماهی نر **A** با ماهی ماده **B**. زیرا ماهیان دورگه حاصل به ندرت مشابه هم می باشند. برای مثال گربه ماهی دو رگه نر آبی با ماده روگاهی برتر از گربه ماهی متقابل خود می باشد.

کاربردهای دورگه گیری

دورگه گیری به یکی از چند روش زیر می تواند برای افزایش توان تولید مورد استفاده قرارگیرد:

۱- بهره برداری از V_D مستقل از V_A است. لذا مقدار h^2 یا توارث پذیری چه بزرگ باش و چه کوچک می توان از V_D برای افزایش توان تولید استفاده نمود و در صورت کوچک بودن h^2 دو رگه گیری غالباً تنها راه عملی برای افزایش توان تولید است زیرا بهگزینی در این حالت کارآیی کمتری دارد.

۲- استفاده از دورگه گیری به عنوان آمیزش نهایی جهت تولید ماهیان مناسب برای پرواربندی است. در این حالت ماهیان در دو لاین (Line) که قبلاً اثبات شده که ماهیان دورگه گیری به عمل می آید.

۳- ایجاد نژاد یا سویه های جدید

۴- تولید محصولات هم شکل. کارخانجات فرآوری و یا مصرف کنندگان اغلب خواستار محصولات هم شکل هستند. ناخالص هستند، اما یک شکل و یکدست می باشند. دورگه گیری کارآمدترین روش برای تولید ماهیان هم شکل می باشد.

۵- تولید جمعیت های تک جنسی^(۳۶) در تیلاپیا ژنهای اتوزومی مؤثر بر جنسیت وجود دارد که اگر حتی کروموزومهای جنسی نباشند تحت تأثیر جنسیت عوض می شود.

۶- تولید ماهیان عقیم، بسیاری از ماهیان دورگه عقیم هستند.

بسیاری از ماهیان دورگه بارور هستند^(۳۷) و بسیاری عقیم^(۳۸) هستند که این عقیم ها به چند دسته تقسیم می شوند:

(۱) Mono sex

(۲) Fertile

(۳) Sterile

- ۱- عقیمی زیگوتی: یعنی گامت توسط دو والد تشکیل می شود، لقاح انجام می شود، زیگوت تولید می شود، اما موجود رشد نمی کند و زنده نمی ماند.
- ۲- عقیمی گامتی: گناد دارد، اما تولید زیگوت نمی کند.
- ۳- عقیمی گنادی: گناد تشکیل نمی شود و تحلیل رفته می باشند. (دورگه ها می توانند تریپلوئید و عقیم می باشد).

خلاصه ای از مطالعات صورت گرفته در رابطه با دورگه گیری

از ابتدای قرن نوزدهم دورگه گیری ماهیان نتایج عالی و جدیدی را در زمینه های تحقیقاتی و پرورشی آبیان ارائه نمود. گسترش تکنیک تکثیر مصنوعی، دورگه گیری و تلاقی بین ماهیان را آسانتر کرده است. اطلاعات دقیقی در ارتباط با تعداد دورگه های طبیعی و مصنوعی وجود ندارد اما تعداد آنها با لغ بر حدود ۵ تا ۶ هزار تخمین زده می شود.

برخی از ماهیان تمایل دارند در شرایط طبیعی بصورت بین گونه ای یا حتی بین جنسی با همدیگر تلاقی یابند. تعداد زیادی دورگه گیری در خانواده کپورماهیان شناسایی شده است. شانزده دورگه طبیعی کپورماهیان را در آبهای یوگسلاوی شناسایی کرد. مؤلفین هیچ ناهنجاری را در گنادهای سیزده دورگه بررسی شده ملاحظه نکردند و این مسئله مؤید این مطلب است که دورگه ها می توانند بخوبی تولید مثل کنند. دورگه های طبیعی در خانواده های کوتوله گربه ماهیان^(۳۹) و کپورماهیان دندان دار زنده زا^(۴۰) نیز شناسایی شده اند.

همچنین چندین دورگه طبیعی نظیر ماهی کلمه^(۴۱) نیز شناسایی شده است.

مولدین تاسماهیان جهت تخم ریزی طبیعی به رودخانه ها مهاجرت می کنند و در بعضی از مناطق بعثت مشترک بودن بستر رودخانه های بزرگ (ولگا در روسیه و اورال در قزاقستان) همزمان در تخم ریزی مولدین دو گونه متفاوت صورت می گیرد و امکان تولید ماهیان دورگه بصورت طبیعی و بدون دخالت بشر وجود دارد. ۹ حالت از دورگه های طبیعی شامل: (کالوگا×تاسماهی آمور)، (فیلماهی×شیپ)، (فیلماهی×تاسماهی روسی)، (فیلماهی×ازون برون)، (شیپ×ازون برون)، (استرلیاد×تاسماهی روسی)، (تاسماهی روسی×ازون برون)، (استرلیاد×ازون برون) و (استرلیاد×تاسماهی سیبری) در بین انواع تاسماهیان گزارش شده است. بر اساس مطالعات انجام شده تخمین زده می شود که حدود ۱ درصد از دورگه های طبیعی تولیدی رودخانه ولگا بارور یا زایا باشند (۶).

(۱) Ictaluridae

(۲) Poecilidae

(۳) *Leuciscus cephalus*×*Rutilus rutilus*

نخستین هیبرید مصنوعی در تاسماهیان در سال ۱۸۶۹ توسط Ovsyannikov از تلاقی بین استرلیاد ماده^(۴۲) و اسپرم ماهیان تاسماهی روسی^(۴۳) و ازون برون^(۴۴) تولید گردید(۳۸).

بیش از ۸۳ سال هیچ گزارشی از مطالعات بعدی منتشر نگردید تا اینکه در سال ۱۹۵۳، Nikolyukin و Timofeeva انواع دورگه از تلاقی بین تاسماهی روسی، فیلماهی، ازون برون و استرلیاد تولید نمودند که موفق ترین آنها تولید ماهی بستر^(۴۵) از تلاقی بین فیلماهی ماده و ماهی استرلیاد نر بده که امروزه نقش مهمی در آبری پروری تاسماهیان ایفا می نماید.

انواع دورگه مصنوعی در بین تاسماهیان تولید شده که از جمله تلاقی بین تاسماهی سیبری^(۴۶) با تاسماهی اروپائی^(۴۷) و تاسماهی سیبری با تاسماهی چینی^(۴۸)، تلاقی بین تاسماهی سیبری با تاسماهی روسی، تلاقی بین تاسماهی رودخانه آمور^(۴۹) و کالوگا^(۵۰) (۲۳)، تلاقی بین تاسماهی آدریاتیک و تاسماهی سفید^(۵۱) صورت گرفته است.

تلاقی مصنوعی بین کپور معمولی با سایر کپورماهیان در بسیاری از کشورها انجام شده است. تلاقی های انجام شده نتایج مختلفی به دنبال خواهد داشت که به عنوان مثال می توان به دورگه های آلتورپیلوئید حاصل از دورگه گیری کپور معمولی ماده × ماهی کپور علفخوار، کپور معمولی × کپور سرگنده، کپور معمولی × کپور نقره ای اشاره نمود.

(۴) A. ruthenus

(۵) A. gueldenstaedtii

(۶) A. stellatus

(۷) Bester

(۸) A. baeril

(۱) A. sturio

(۲) A. sinensis

(۳) A. dabryanus

(۴) Huso dauricus

(۵) A. transmontanus

مروری بر مطالعات انجام شده در ایران

اولین دورگه گیری در تاسماهیان در ایران بین فیلماهی ماده و ازون برون نر و برعکس در مرکز تحقیقات شیلات مازندران توسط امینی در دو تیمار صورت گرفت.

در مورد کپورماهیان نیز تلاقی دوطرفه ماهی سفید×ماهی کلمه، تلاقی دوطرفه ماهی کلمه و ماهی سیم انجام شد. با توجه به میانگین وزنی بوجود آمده در چهار دورگه گیری فوق مشخص گردید که پرورش این دورگه ها توجیه اقتصادی ندارد و مقرون به صرفه نیست.

همچنین در سال ۱۳۷۵ دورگه گیری بین ماهی سفید ماده و ماهی نر انجام شد.

قزل (۱۳۷۶) دورگه گیری بین فیلماهی با تاسماهی روسی و قزل و امینی در سال ۱۳۷۷ دورگه بین فیلماهی با ماهی شیپ تولید کردند. همچنین بین ماهی شیپ و ازون برون دورگه ای تولید شد و روند رشد بچه ماهیان تولیدی فقط با ماهی ازون برون مقایسه گردید. درصد لقاح دورگه ها بیشتر از شاهد ولی از درصد تفریح کمتری برخوردار بود و ماندگاری بچه ماهیان دورگه پرورشی بیشتر بود. میزان رشد و افزایش وزن ماهیان هیبرید بیشتر از ماهیان شاهد بود.

بین فیلماهی با تاسماهی ایرانی بصورت رفت و برگشت در ۴ تیمار و ۳ تکرار تلاقی صورت گرفت. با توجه به نتایج با وجود رشد بیشتر دورگه های حاصل از تلاقی فیلماهی ماده با تاسماهی نر به علت کمبود فیلماهی ماده، دورگه حاصل از تلاقی فیلماهی نر با تاسماهی ایرانی ماده برای پرورش ماهیان خاویاری توصیه گردید.

۶- درون زایی

هر چند بهگزینی و دورگه گیری جزء طرحهای تولید مثلی هستند که معمولا در زمان اصلاح نژاد یک جمعیت مورد بررسی قرار می گیرند ، درون زایی نیز به عنوان سومین گزینه در این طرحها محسوب می گردد. که قرنهاست توسط پرورش دهندگان در جهت اصلاح حیوانات و گیاهان مورد استفاده قرار می گیرد می تواند اثرات شگرفی بر توان تولید داشته باشد از نظر ژنتیکی درون زایی فقط باعث خلوص ژنتیکی می شود ماهیانی که با یکدیگر خویشاوند هستند قسمتی از آلل های خود را از یک یا چند جد مشترک دریافت می کنند در صورتی که افراد خویشاوند با یکدیگر آمیزش نمایند آن دسته از آلل هایی که به واسطه جد مشترک به آنها رسیده اند امکان جفت شدن پیدا می کنند در این حالت فرزندان ایجاد شده در یک یا بسیاری از لوکوسها خالص می باشند که آنها را همخون می نامند. از لحاظ ژنتیکی درون زایی سبب افزایش هموزیگوتی در نوزادان می گردد (این بدان معناست که درون زایی هتروزیگوتی را نیز در نوزادان به میزان یکنواختی کاهش می دهد).

اهمیت درون زایی در کشاورزی بسیار بیشتر از پرورش حیوانات است زیرا بسیاری از گیاهان توانایی خودلقاحی داشته و توسط گرده افشانی مصنوعی بارور می شوند. درون زایی می تواند در جهت ایجاد چهارپایان اهلی برتر و با رشد بیشتر استفاده شود و تکنولوژیهای جدید می تواند به تولید و استفاده از ماهی حاصل از درون زایی برای اصلاح جمعیت یا اهداف تحقیقاتی به کار آید.

مقدار درون زایی تولیدی در زمانی که خویشاوندان جفتگیری می کنند وابسته به نزدیکی والدین دارد. اقوام نزدیک (بطور مثال ، برادر و خواهر ، والدین و فرزندان) آلل های زیادی را که از نسلهای مشترک به ارث برده اند را تقسیم می کنند. بنابراین وقتی آنها جفتگیری می کنند ، آنها نسلهایی تولید می کنند که سطوح بالایی از درون زایی دارند .

از نظر روابط خویشاوندی دورتر ، افراد وابسته (بطور مثال ، چهارمین و پنجمین فرزندان خاله ، عمو و عمه) نسبتا آلل های کمتری را از یک نیای مشترک تولید می کنند بنابراین وقتی آنها جفتگیری می کنند ، آنها نسلهایی را با درون زایی کمتر تولید می کنند. بدلیل اینکه درون زایی خلوص را افزایش می دهد ، فراوانیهای ژنوتیپی تغییر می یابد و درصد ژنوتیپ های خالص افزایش پیدا می کند در حالی که درصد ژنوتیپ های ناخالص کاهش می یابد. اگر سیستم منظم تولیدمثل خویشاوندی اجراء شود ، برنامه تولیدمثلی یک سری از خانواده های درون زاده شده را ایجاد می کند که دورگه نمی شود . این حالت جمعیت را به دودمانهای مختلف تقسیم می کند که بعدا اختلاف ژنوتیپی را افزایش می دهند .

انتخاب ، جابجایی ژنتیکی ، مهاجرت و جهش ، به عنوان نیروهای موثر در تغییر فراوانی ژن ارزیابی می شوند که از طریق تولیدمثل رخ می دهد. درون زایی فراوانی ژنی را تغییر نمی دهد بلکه توسط تغییرات فراوانی ژنوتیپی ، درون زایی می تواند انتخاب را تسریع کند . در طی یک برنامه درون زایی ، اگر خانواده های درون زاده شده به طور نسبی نگه داشته شوند فراوانیهای ژنوتیپی بشدت می تواند تغییر کند . اگر چه درون زایی گونه ای یک روش با ارزش تولیدمثل است می توان آن را با موارد مشابه ترکیب کرد تا جانوران و گیاهان بازارپسند پرورش داده شود اما درون زایی بدون برنامه اغلب سبب ایجاد نوعی نقص درون زایی گونه ای همراه با کاهش بقاء ، باروری و سرعت رشد می شود . مشکلاتی که با درون زایی کنترل نشده ایجاد می شود اغلب با ضایعات کلی ناشی از پیامد ژنتیکی همراه خواهد بود.

اگر یک پرورش دهنده از یک برنامه درون زایی استفاده کند مسلما ماهی ایجاد شده بر اثر درون زایی گونه ای ایجاد شده و سطوح درون زایی فامیلی با گذشت زمان افزایش می یابد. هنگامی که یک برنامه درون زایی گونه ای برای اصلاح جمعیت یا تولید ماهیان اصلاح شده ژنتیکی وجود ندارد تنها اهداف ژنتیکی باید به صورت زیر باشد :

جلوگیری یا به حداقل رساندن درون زایی ، جلوگیری از پیشامد ژنتیکی به واسطه کاهش اختلاف ژنتیکی ، به حداقل رساندن ضایعات آلی ، وقتی که از برنامه اصلاح نژادی استفاده می شود تغییرات

ژنتیکی را برنامه ریزی کرده و متناسب می سازند چون این امر نرخ رشد ماهی اصلاح شده را بهبود می بخشد. در صورتی که از هیچ برنامه اصلاح نژادی استفاده نشود تغییرات ژنتیکی برنامه ریزی شده نبوده و به صورت اتفاقی رخ می دهد که سبب کاهش جمعیت ماهیان می شود.

در نتیجه هنگامی که یک مدیر مرکز تکثیر از برنامه اصلاح نژادی استفاده نمی کند، بهتر است سعی کند از سطوحی از درون زایی که باعث ایجاد نقص خواهد شد جلوگیری کند. و همچنین از ایجاد پیشامد ژنتیکی در نتیجه دستکاری جمعیت با پتانسیل با ارزش آلی جلوگیری کند.

از آنجایی که بیشتر پرورش دهندگان ماهیان را علامت گذاری نمی کنند باید اندازه موثر جمعیت (Ne) کنترل شود تا درون زایی گونه به حداقل برسد. کنترل Ne برای جلوگیری از مشکلات ناشی از نقص ژنتیکی و درون زایی است، ثابت نگهداشتن Ne در یک اندازه مشخص بسیار مشکل است چون Ne ممکن است به علت بیماری ها و فصل بد تخم ریزی و... کاهش یابد اگر Ne کاهش یابد، جمعیت ماهی کاملاً در یک تنگنا قرار می گیرد. این امر سبب افزایش انباشتگی نقص درون زایی و پیشامد ژنتیکی می شود. جلوگیری از این تنگناها، مخصوصاً در طول دوره تکامل جمعیت ماهیان ممکن است مهمترین جنبه از کنترل ذخیره اصلاح نژادی باشد.

علامت گذاری ماهیان و جلوگیری از درون زایی نسبی از نقص ژنتیکی جلوگیری نمی کند، کنترل جمعیت ماهی برای به حداقل رساندن تاثیرات نقص ژنتیکی را می توان تنها به وسیله کنترل Ne انجام داد. هنگامی که ماهی علامتگذاری نشده باشد تنها روش جلوگیری از درون زایی ناخواسته در نتیجه انباشتگی و جلوگیری از از رواج نقص ژنتیکی، کنترل میزان Ne می باشد. هنگامی که یک پرورش دهنده از یک برنامه اصلاح نژادی برای بهبود جمعیت ماهیان استفاده می کند کنترل Ne یکی از مهمترین بخشهای اطلاعاتی در زمینه جمعیت ماهیان می باشد چون Ne عموماً با نقص ژنتیکی و درون زایی در ارتباط است در نتیجه کنترل Ne یک جنبه اصلی در آمیزش ماهیان است.

ایجاد نسل جدید

درون زایی زمانی مورد استفاده قرار می گیرد که یک نسل، نژاد یا وارسته جدید کشف شده و در بسیاری موارد اجتناب ناپذیر است. گونه های جدید می توانند حاصل هیبرید شانسسی بوده یا اینکه از والدین منحصر به فرد با با فنوتیپ های مطلوب بوجود آمده باشند.

وقتی نسل تازه بوجود آمده کوچک و جدیداند درون زایی حتمی الوقوع است. و زمانی که این گونه ها نسل اول هستند تعداد کمی از آنها نر می باشند. در اینصورت نر بوجود آمده برای باروری تعداد زیادی از ماده همان نسل و دو نسل بعد در راستای تولید یک جمعیت از جانوران مشابه خود پرورش داده می شود.

دور دوم درون زایی زمانی رخ می دهد که یک یا دو تا از فرزندان نر والد نر اولیه مورد استفاده قرار می گیرد . وقتی که اندازه نسل جدید افزایش یافت اهمیت درون زایی کم می شود.

استفاده از یک موجود نر برتر در گروه یا گله

این نوع درون زایی در واقع تغییر در دورگه گیری است . در این روش پرورش دهنده یک موجود نر برتر را انتخاب کرده و از آن به عنوان نر گله یا گروه استفاده می کنند . این تنها حیوان نر موجود در گروه است که برای آمیزش با تمام ماده های نسل خود و نسل بعدی استفاده می شود . این طرح برای بوجود آوردن یک جمعیت حیوانی با خصوصیات فنوتیپی برتر اجرا می شود. بسیاری از پرورش دهندگان با استفاده از این در جهت کاهش میزان درون زایی و در نتیجه به حداقل رساندن افت کیفیت درون زایی گام برمی دارد.

درون زایی برای بروز و جمع آوری آلل های زیان بار و مضر

درون زایی می تواند به عنوان یک نوع تست دودمانی برای آشکار شدن آلل های مضر استفاده شده و خانواده های حامل این بمب های ژنتیکی را حذف نماید. تست دودمانی یک برنامه تولید مثلی است که در آن یک ماهی با فنوتیپ های غالب با یک ماهی مورد آزمایش برای شناسایی و حذف ژنهای ناخالص و همچنین حفظ ژنهای خالص آمیزش داده می شود. یک پرورش دهنده با استفاده از آمیزش های خویشاوندی و گسترش خانواده های حاصل از درون زایی قادر می گردد تا بطور همزمان بسیاری از الل های مضر را شناسایی کرده و خانواده های حامل نقص های ژنتیکی نهفته را حذف نماید.

از آنجایی که بسیاری از حیوانات حامل چندین الل مضر به شکل هتروزیگوت نهفته می باشند این روش تولیدمثلی نوعی تست دودمانی مهم نیز تلقی می گردد و خانواده هایی که هیچ مشکلی از خود بروز نمی دهند از نظر ژنتیکی برتر می باشند . این طرح یک طرح تولید مثلی هزینه بر محسوب می گردد.

رابطه درون زایی با بهگزینی

درون زایی زمانی می تواند برای بهبود نتایج بهگزینی استفاده شود که h^2 (قابلیت وراثت) یک تیره کم باشد . در این روند تفاوت های ارثی با به حداقل رساندن اثرات محیطی (VE) زیر زره بین برده شود . وقتی میزان h^2 کم باشد درون زایی می تواند برای ایجاد خانواده هایی استفاده شود که تفاوت های ارثی را بارزتر نشان می دهند . در درون زایی تشخیص و ارزیابی تفاوت های ارثی را با به حداقل رساندن بعضی منشاء های غیرارثی تسهیل می نمایند.

درون زایی مقدار مطلق واریانس افزایشی را تغییر نمی دهد بلکه منجر به تغییرات نسبی مقدار آن می گردد و پرورش دهنده را قادر می سازد تا به واسطه واریانس افزایشی خانواده های برتر از نظر ژنتیکی را شناسایی و حفظ کنند که خود منجر به کارایی بیشتر بهگزینی در میان یک خانواده می شود.

رابطه درون زایی با دورگه گیری

درون زایی، جفتگیری در بین حیواناتی است که رابطه نزدیک تر از حد میانگین در یک جمعیت نسبت به هم دارند. و دورگه گیری جفتگیری در بین یک جمعیت حیوانی با وابستگی و رابطه دودمانی کمتری می باشند.

حالت ژنتیکی هتروزیگوتی، درون زایی و دورگه گیری را کنترل می کند. درون زایی می تواند نسل هایی را ایجاد کند که به تولید ماهیهای هیبرید با توان بالا کمک نماید. ایجاد نسل های حاصل از درون زایی نتایج دورگه گیری را به وسیله بسط دادن فاصله ژنتیکی بین ماهیهای بوجود آمده بهبود می بخشد. درون زایی همچنین می تواند انواع حالت های هتروزیگوت را ایجاد نماید و این روند منجر به تولید دورگه هایی با سطح توانایی بالا می گردد. در کل ایجاد حیوانات حاصل از درون زایی به ثابت ماندن یک یا دو صفت کیفی در هر نسل کمک می کند.

- برای این نوع اهداف تولیدمثلی دو روش وجود دارد:

۱- نسل های درون زاد از دو تیره مختلف برای ایجاد دورگه های F1 انتخاب شوند.

۲- ایجاد نسلهای درون زاد در هر تیره و دورگه گیری از آنها.

روش دوم کارآمدترین روش رایج است. از آنجایی که ایجاد نسل F1 دورگه غیرقابل پیش بینی است نمی توان گفت که دورگه ای که ایجاد خواهد شد یک دورگه مطلوب خواهد بود. در صورت ایجاد نسلهای درون زاد در دو تیره که آماده بوجود آمدن نسل F1 دورگه برتر باشند احتمال این می رود که تعدادی از افراد F1، دورگه های برتر باشند. میزان باروری درون زایی، متغایر با سایر روشهاست وقتی که میزان باروری کاهش یافت امکان ایجاد دورگه های F1 با رشد بالا به قدر کافی وجود ندارد.

- روش حل این مشکل :

چهار نسل درون زاد ایجاد کرده و از حاصل آمیزش بین آنها دی هیبرید بوجود می آورند . این نوع تولید مثل سه مرحله دارد :

۱- ایجاد چهار نسل درون زاد

۲- ایجاد دو F1 دورگه از آمیزش آنها

۳- استفاده از دو F1 مرحله قبل و بوجود آوردن یک دی هیبرید با ایجاد F1 میزان F به صفر درصد رسیده و بنابراین میزان باروری به حد نرمال می رسد. این دورگه های F1 توسط پرورش دهنده جهت ایجاد حیواناتی با میزان رشد عالی استفاده می شوند . اگر هر نسل درون زاد برای ثبات یک یا دو فنوتیپ کیفی استفاده شود ، دی هیبرید ها حالت هتروزیس را بروز می دهند و همگی دارای چندین فنوتیپ کیفی مطلوب خواهند بود.

قابلیت بهره برداری از درون زایی در بعضی از روشهای تولیدمثلی به توانایی پرورش دهنده یا مدیر هجری ، جهت تولید سریع و کارآمد نسل درون زاد بستگی دارد . بهترین حالت در زمانی است که پرورش دهنده ها بدانند میزان درون زایی در مورد یک طرح تولید مثلی خاص چقدر است. در واقع میزان درون زایی حاصل از یک طرح تولید مثلی درون زایی وابسته به رابطه خویشاوندی دو ماهی آمیزش یافته باهم می باشد . و در کل دانستن میزان درون زایی در ایجاد نسل جدید مهم است . این اطلاعات می تواند در جهت ایجاد یک سیستم منظم از تولیدمثل درون زایی استفاده شود تا پرورش دهنده قادر به ایجاد سطوح درون زایی قابل پیش بینی در یک چهارچوب از پیش تعیین شده گردد.

کاربرد درون زایی

با توجه به کاهش توان تولید در اثر درون زایی در ماهیان باید دید که چگونه می توان از آن برای پیشبرد یک جمعیت استفاده نمود . یکی از کاربردهای مهم درون زایی مربوط به یکی از برنامه های اصلاح نژاد به نام آمیزش دودمانی است . آمیزش دودمانی به حالتی گفته می شود که یک فرد برجسته (معمولاً یک ماهی نر) برای آمیزش با یکی از اخلاف خود به دودمان برگشت داده می شود معمولاً علت انجام این کار این است که خصوصیات این حیوان به اندازه ای برجسته است که تصمیم گرفته می شود مشارکت آن در ایجاد هر یک از اخلاف خود افزایش یابد و در نتیجه دخالت آن در خزانه ژنی بیشتر شود . دومین کاربرد درون زایی ایجاد دودمان هم خون است . که از آن برای تولید ماهیان دورگ نسل اول جهت پروراندی دورگه گیری به عمل می آید برای انجام این کار دو یا چند دودمان برگزیده به منظور تثبیت الل های خاصی همخون می شوند در صورتی که این دودمان های همخون با یکدیگر آمیزش داده شوند ماهیان دورگه حاصل از آنها در لوکوسهای مورد نظر با یکدیگر مشابه گردیده و لذا از نظر فنوتیپی نیز هممشکل

خواهند شد موضوع اخیر اغلب به عنوان یکی از اهداف برنامه آمیخته گری است و هر دو به همکاری اثرات متقابل آلل ها بستگی دارد.

اثرات درون زایی

۱- اثرات مثبت

درون زایی یک برنامه تولید مثلی است که می تواند جهت تولید مثل مولدین گیاهی و جانوری عالی و ممتاز استفاده شود، و همچنین می تواند تولید حیوانات و گیاهانی را که از نظر ژنتیکی رشد بهتری دارند را تولید کند. تولید مثل خویشاوندی یک برنامه تولید مثلی است که اغلب برای ایجاد نژاد و واریته های جدید استفاده می شوند که نژاد درست را بوجود می آورند، که یک ساختار ویژه بدن و یک سری از فنوتیپ های کیفی را بوجود می آورند.

درون زایی می توانند برای تثبیت یک صفت ظاهری مطلوب در جمعیت و رسیدن به یکنواختی و همشکلی افراد مفید باشد. به عنوان مثال شباهت یک فرزند به والد همخون نسبت به والد غیرهمخون بسیار بیشتر است. یکی از مهمترین کاربردهای درون زایی ایجاد نسلهایی است که در طرح های دورگه گیری در جهت تولید هیبرید های برتر با میزان رشد بسیار بالا استفاده می شوند.

۲- اثرات منفی

تقریباً هر موجود زنده ای حامل آلل های نهفته و زیان آوری هستند که بصورت ناخالص پنهان می باشند هرگاه این آلل ها بروز پیدا کنند باعث ایجاد فنوتیپ های غیر طبیعی و یا کشنده خواهند شد افراد خویشاوند احتمالاً دارای آلل های نهفته، زیان آور مشابه هستند. به دلیل اینکه درون زایی از طریق جفت نمودن آلل هایی به دلیل نسب مشابه اند باعث ایجاد خلوص ژنتیکی می شوند لذا در آمیزش افراد خویشاوند آلل های نهفته نادری که زیان آور هستند با احتمال بیش از آمیزش افراد غریبه با یکدیگر جفت شده و بروز پیدا می کند. احتمال جفت شدن آلل های نهفته زیان آور با افزایش رابطه خویشاوندی بین والدین بالا می رود. هنگامی که والدین با یکدیگر خویشاوند باشند، احتمال بوجود آمدن زاده های غیر طبیعی یا زاده های دارای قابلیت زیست پایین، بیشتر می شود. و هر اندازه که این رابطه نزدیک تر باشد، این احتمال بالاتر خواهد رفت.

جفت شدن آلل های زیان آور باعث ایجاد یک روند عمومی در جهت کاهش قابلیت زیست، باقیماندگی، رشد، افزایش درصد ناهنجاریها می شود و همچنین فشار ناشی از درون زایی موجب افت کیفیت جمعیت و کاهش هم آوری می گردد. که این نیز به انقراض بعضی از جمعیت های ماهی می انجامد.

چالش درون زایی باعث کاهش در نرخ رشد و قابلیت باروری می شود. مشکلات ناشی از درون زایی به سطح درون زایی ، فنوتیپ مورد نظر و جمعیت بستگی دارد. برای استفاده از برنامه درون زایی یک پرورش دهنده باید درک کامل از نحوه عملکرد این تکنیک داشته باشد . برنامه تکثیر بسیار پرهزینه و طولانی مدت می باشند . سیستم های تصادفی و بدون برنامه منجر به ایجاد درون زایی نامشخص و غیرقابل پیش بینی می شوند بنابراین همه برنامه های تکثیر باید یک سیستم منظم را دنبال نمایند که درون زایی از ارائه مسئله مستثنی نمی باشد.

تعداد زیادی از سیستمهای متعادل درون زایی وجود دارند که بعضی از آنها نسبتا ساده ولی بعضی از آنها به قدری پیچیده اند که میزان درون زایی تولید شده بسیار ناچیز است که استفاده از آن عملی نمی باشد

جمعیت (Population)

بزرگترین اجتماع از افراد است که ژنوتیپ آنها به عنوان طرح تصادفی از یک مخزن ژنی منفرد می باشد. یا به عبارت دیگر یک جمعیت گروهی از افراد درون امیزش است که از نظر تولید مثلی از گروههای دیگر همان گونه جدا هستند. اگر چه این گروههای تولیدمثلی از هم جدا هستند اما به علت نبود جداسازی کامل میان جمعیتها (یعنی وجود جریان ژنی بین جمعیتها) به عنوان گونه قلمداد نمی گردند. اعضای دو جمعیت از یک گونه اگر فرصتی پیدا نمایند، قادرند فرزندان بارور تولید کنند.

ساختار جمعیت (population structure)

از آنجاییکه جمعیتها ممکن است تبادلاتی با هم داشته باشند این امکان وجود دارد که تمایز ژنتیکی بین جمعیتها وجود نداشته باشد (به استثنای جمعیتهایی که بطور آشکارا از نظر جغرافیایی از هم جدا هستند و هیچ ارتباطی با هم ندارند) به عبارت دیگر در مواردی موانع تولید مثلی پنهانی وجود دارد که از تبادلات اطلاعاتی ژنتیکی بین جمعیت جلوگیری می کند. به علاوه در طول چرخه زندگی یک گونه ممکن است اعضای یک جمعیت به طور فیزیکی با اعضای دیگر جمعیتها مخلوط شوند. بدین ترتیب ساختار جمعیتی یک گونه می تواند یک جمعیت تولیدمثلی منفرد، جمعیتهای متعدد مجزا، که تنها گاهی با هم تبادلات گامتی دارند ولی در اصل به وسیله فاصله جغرافیایی از هم جدا هستند، جمعیتهایی که در کنار هم زندگی می کنند ولی از نظر تولید مثلی مجزا هستند و با ترکیبی از تمام حالات بالا باشند.

اللهای واقعی و موثر (Real and Effective alleles)

اللهای واقعی در حقیقت تعداد اللهای مشاهده شده در هر جایگاه ژنی است. این معیار به شدت تحت تاثیر اندازه نمونه بوده به همین جهت این امکان وجود دارد که در آزمایشات گوناگون با تعداد نمونه های متفاوت تعداد اللهای واقعی مختلفی برای یک جایگاه معین بدست آید. معیار دیگری که منعکس کننده تعداد اللهاست تعداد اللهای موثر میباشد. این معیار بیانگر تعداد اللهایی است که هتروزایگوسیتی یکسان ایجاد میکنند. در شرایطی که همه اللهای دارای فراوانی یکسان بوده و با اللهای نادر ($P \leq 0.01$) تحت تاثیر قرار نگیرند تعداد اللهای موثر در یک جمعیت برابر تعداد اللهای واقعی خواهد بود. تعداد اللهای موثر (n_e) را به صورت زیر محاسبه میکنند:

$$n_e = 1 / \sum P_i^2$$

که در آن P_i فراوانی هر یک از اللهاست. این معیار را بیشتر به دلیل حساسیت کم آن به اندازه نمونه مورد استفاده قرار می دهند.

تنوع هتروزیگوسیتی یا تنوع ژنی (Gene or Heterozygosity Variation)

مطالعه تغییرات در جوامع مشخص کننده وسعت تنوع ژنی میباشد. راههای مختلفی برای بررسی وجود دارد که ساده ترین آن اندازه گیری فراوانی الیها یا ژنوتیپها میباشد. فراوانی هتروزیگوتها از این جهت اهمیت دارد که هر هتروزیگوت ناقل الیهای متفاوتی است و این نشان دهنده وجود تنوع میباشد. به همین دلیل معمولترین معیار تنوع ژنی در یک جمعیت میزان هتروزیگوسیتی میباشد. این معیار اغلب برای یک مکان ژنی و یا میانگین تعدادی مکان ژنی گزارش می شوند.

شاخص شانون (Shanon Index)

از آنجا که حد نهایی هتروزیگوسیتی برای هر تعدادی از الیها یکسان (برابر ۱) میباشد، معیار هتروزیگوسیتی حساسیت زیادی به افزایش تنوع ندارند. این محدودیت تفکیک بین جمعیتها را با استفاده از جایگاههای بسیار متغیر همچون ریز ماهواره ها (با هتروزیگوسیتی ۰/۸ یا بیشتر) دشوار می سازد تنوع را میتوان به صورت زیر و تحت عنوان شاخص اطلاعات شانون نیز تعیین نمود.

$$I = -\sum_i P_i \ln P_i$$

که در آن P_i فراوانی I امین ال در یک جایگاه معین میباشد. بر خلاف هتروزیگوسیتی که برای هر تعداد ال حد نهایی یک را دارد، مقدار I برابر $\ln(n)$ میباشد. با وجود اینکه تفسیر بیولوژیکی این معیار مشخص نیست، ممکن است برای اندازه گیری تنوع جایگاههای بسیار متغیر مفید باشد.

تعادل هاردی-واینبرگ (Hardy-Weinberg Equilibrium)

فرضیه چگونگی توزیع زنها و ژنوتیپهای مختلف در یک جمعیت در سال ۱۹۰۸ مستقلاً به وسیله دو دانشمند انگلیسی و آلمانی با نامهای هاردی (Hardy) و واینبرگ (Weinberg) ارائه گردیده است و تنها در جوامعی صادق است که دارای شرایط زیر باشند.

الف) جفت گیری در این جوامع تصادفی باشد.

ب) جهش در ژنهای مورد مطالعه نادر بوده و میزان جهش در دو ال تقریباً برابر باشد.

ج) تعداد افراد جمعیت نسبتاً زیاد باشد به طوری که شانس عامل مهمی در تغییر فراوانی ژنها نباشد.

د) تولید مثل و قابلیت زندگی ژنوتیپهای مختلف تحت مطالعه مساوی باشد. به عبارت دیگر ژنوتیپهای مختلف دارای ارزشهای متفاوتی از نظر انتخاب طبیعی نباشند.

بر اساس قانون هاردی-واینبرگ در جمعیتی که شرایط فوق صادق باشد نسبت گامت‌های تولید شده متناسب با فراوانی ژنها در جمعیت خواهد بود. اولین مرحله تجزیه و تحلیل در هر جمعیت، آزمون تعادل هاردی-واینبرگ است، وقتی یک جمعیت نسبت‌های هاردی-واینبرگ را دارد، ضریب عدم تعادل D_A برابر صفر

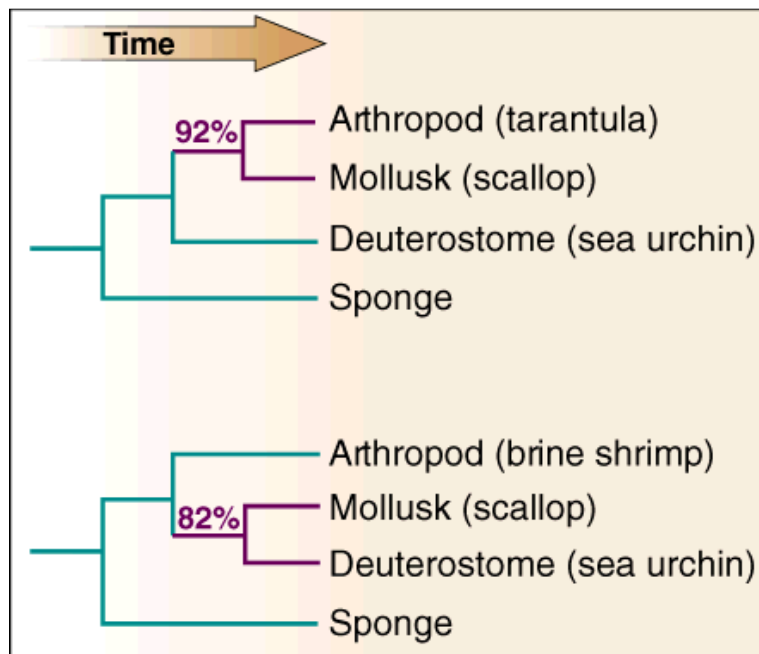
است، که این همان آزمون برای تعادل هاردی واینبرگ یا آزمون فرض میباشد $H: D_A = 0$
تعادل هاردی - واینبرگ با استفاده از آزمون مربع کای X^2 و آزمون نسبت درست نمایی G^2 مورد بررسی قرار می گیرد.

فاصله ژنتیکی (Genetic Distance)

زمانی که داده های ژنتیکی از چند جمعیت بدست می آید اولین سوالی که مطرح می شود این است که شباهت ژنتیکی جمعیتها چقدر است. عموماً عقیده بر اینست که ارتباط جمعیتها مربوط به زمانی است که آنها از یک جد مشترک انشقاق یافتند که این نیازمند مدل ژنتیکی مشخص می باشد تا فرایندهایی از قبیل جهش و تفرق را در جمعیتهای جدا شده تعیین کند. فاصله ژنتیکی طرحی است که برای بیان تفاوت میان جمعیتها مطرح می شود. اگر هیچ تفاوتی وجود نداشته باشد فاصله ژنتیکی صفر خواهد بود و اگر جمعیتها در هیچ یک از مکانهای ژنی الل مشترک نداشته باشند فاصله ژنتیکی حداکثر یعنی مساوی یک خواهد بود.

فیلوژنی (Phylogeny)

فیلوژنی علمی است که با در نظر داشتن شباهتها و تفاوتهای بین گونه ها میتواند به توضیح روابط تکاملی موجودات بپردازد. یعنی اگر دو گونه خیلی به هم شبیه اند می توان این فرض را داشت که آنها در یک جد مشترک با هم اشتراک دارند. در بررسی های فیلوژنیک از انواع مختلف صفات میتوان استفاده نمود اما امروزه استفاده از نوکلیدک اسید و توالی پروتئین به خاطر وجودشان در اشکال مختلف حیاتی بیشتر رایج است. ولی به هر حال زمانی که از داده های این توالی ها می خواهیم به استنباط فیلوژنی بپردازیم بایستی دانست که میزان موتاسیون ممکن است ثابت باشد و از این رو توالیها ممکن است در معرض تغییرات ناشی از انتخاب قرار گیرند. یک درخت فیلوژنیک نموداری است که از یکسری گره ها و شاخه ها تشکیل شده است. از اتصال دو شاخه یک گره حاصل می شود. گره ها حاکی از وجود واحدهای تاکسونومیک است. واحدهای تاکسونومیک به گره هایی که می تواند یک گونه یا جمعیت یا یک فرد و حتی یک ژن باشد منتهی گردند. شاخه ها تعیین کننده ارتباط واحدهای تاکسونومیک به بیان دیگر نژادها و جدشان است. معمولاً برای نشان دادن میزان انشقاق گروهها، طول شاخه هایی که آنها را با هم متصل می کنند مورد قیاس قرار می گیرد. عموماً دو نوع درخت فیلوژنیک به کار می رود. درختان بی ریشه تنها فواصل بین واحدها را بدون اینکه کدامیک جد دیگری است ارایه می دهد. در حالی که درختان ریشه دار تصویری از ترتیب موقتی گونه ها را بر روی یک درخت ارایه می دهد.



شکل شماتیک روابط فیلوژنی در جانداران

روشهای حفظ تنوع ژنتیکی

تنوع ژنتیکی بوسیله انقراض جمعیتها و فقدان تنوع در درون جمعیتهای محدود از بین می رود نسبت مورد انتظار تنوع ژنتیکی (هتروزیگوسیتی یا H_t) که در داخل یک جمعیت پس از t نسل باقی می ماند را می توان از معادله زیر بدست آورد .

$$H_t = H_o \{ 1 - 1 / (2Ne/N) \}^t$$

که در آن : H_o ، هتروزیگوسیتی اولیه ، N اندازه جمعیت ، Ne اندازه موثر جمعیت t : تعداد نسل که در نتیجه حفظ هتروزیگوسیتی از طریق زیر حداکثر می گردد .

- ۱- حداکثر نمودن هتروزیگوسیتی اولیه : حداکثر نمودن هتروزیگوسیتی اولیه از طریق تشکیل جمعیتها با تعداد بالا بدست آید بایستی تا حد امکان جمعیتهایی که سطوح بالایی از تنوع را دارند انتخاب شوند.
- ۲- حداقل نمودن تعداد نسل : تعداد نسل را می توان از طریق افزایش فاصله نسل یا از طریق استفاده از انجماد اسپرم حداقل نمود . فناوریهای از قبیل انجماد اسپرم و جنین، فرصتهایی را برای حداقل کردن کاهش ژنتیکی فراهم می کند .

۳- حداکثر نمودن اندازه جمعیت

۴- حداکثر نمودن نسبت Ne/N (اندازه موثر جمعیت به اندازه جمعیت)

اندازه موثر جمعیت نه تنها به اندازه سرشماری شده بلکه به تنوع اندازه خانواده، نابرابری نسبت جنسی و نوسانات تعداد در طی نسلها بستگی دارد و یکسان سازی اندازه خانواده (Equalization of family size) باعث افزایش موثر جمعیت خواهد شد.

روشهای تعیین تنوع ژنتیکی

تعیین تنوع ژنتیکی گونه ها به منظور اهداف پایه ای (فهم مکانیسم های دخیل در سازش و تکامل گونه ها و مطالعات سیستماتیک) و اهداف کاربردی (مدیریت منابع ژنتیکی گونه ها) انجام می گیرد. در حالت عادی نمی توان تنوع ژنتیکی یک گونه را بطور مستقیم از داده های فنوتیپی بدست آورد زیرا تأثیر عوامل محیطی مانع تفسیر صحیح و دقیق آنها می شود. بنابراین به روشهای علمی که بر پایه طرحهای آزمایشگاهی باشند نیاز است. روشهای متداول در بررسی تنوع ژنتیکی شامل آنالیز صفات کمی، کروموزومی و ملکولی می باشند.

۱- صفات کمی (Quantitative characters) و مورفولوژیکی

در غالب موارد صفات کمی، صفاتی هستند که تنوع و گوناگونی پیوسته (مثل اندازه) یا طیف وسیعی از مقادیر مجزا را نشان می دهند. کنترل ژنتیکی صفات مورفولوژیکی نامشخص و گاهاً چند ژنی هستند. یکی از معایب مهم این نشانگرها عدم توانائی داده های مورفولوژیکی در برآورد فاصله ژنتیکی است. برآورد فاصله ژنتیکی در صورتی دقیق خواهد بود که اثر عوامل محیطی بر روی آنها حداقل باشد. صفات مورفولوژیکی به شدت به تغییرات محیطی حساسند. آنالیز صفات کمی بر اساس مدل زیر استوار است:

اثرات محیطی + ژنوتیپ = فنوتیپ

اگر چه صفات ظاهری بطور سنتی در علوم زیستی مورد استفاده قرار گرفته اند ولی دارای محدودیت های اساسی هستند. محدودیت هائی شامل تعداد کم صفات ظاهری، دقت کم، تأثیر پذیری شدید از محیط و مراحل رشد و بلوغ، جنسیت، سن، وجود غالبیت در بروز، نامشخص بودن اساس ژنتیکی، مشکل بودن تفسیر بسیاری از این نشانگرها و عدم تفکیک افراد خالص از ناخالص می باشند.

۲- تنوع سیتوژنتیکی یا کروموزومی (Chromosomal variation)

تهیه کارت کروموزومی برای موجود است که تعداد و نوع کروموزوم ها را روی یک صفحه نمایش می دهد. در این امر کروموزوم ها براساس اندازه طول بازوها، محل سانترومرها و شکل کروموزوم از بزرگترین کروموزوم به کوچکترین آنها نمایش داده می شوند

روشهای کاریوتایپی برای تعیین تنوع در تعداد و تنوع ساختمانی کروموزوم ها مورد استفاده قرار می گیرند. تنوع درون و بین جمعیتی در تعداد کروموزومها در بعضی آزاد ماهیان مشاهده شده که این تنوع حاصل الحاق سانترومر (Center fusions) است. اجزای کروموزوم ها بر روی هر یک از طرفین سانترومر را اصطلاحاً بازوی کروموزوم chromosomal arm که اصطلاحاً number of fundamental NF نامیده می شود. در این زمینه بیشترین مطالعات انجام در آزاد ماهیان صورت گرفته است.

تنوع ساختمانی: محل قرار گرفتن سانترومرها مثل تلوسانتریک ها، متاسانتریک و...، ایزوکروموزوم ها، جابه جایی کروموزومی، الگوهای نواری از این گروه از نشانگرها می باشند که نماینگر تنوع و اختلاف در ساختمان کروموزوم ها هستند.

کروموزوم ها در مرحله متافاز تقسیم سلولی به علت حداکثر فشردگی بطور واضح در خط استوای سلول دیده می شوند و این همان مرحله ای است که مطالعات کاریو لوژیک به آن وابسته است. به علاوه طول کروموزوم ها، منطقه سانترومر در آنها به خوبی قابل تشخیص است. همچنین به راحتی قابل پخش شدن روی لام و تهیه گسترش کروموزومی می باشد در نتیجه امکان شمارش و طبقه بندی آنها فراهم است. در این مرحله شکل و سایز و تعداد کروموزومها می تواند تعیین کننده گونه های موجودات باشد.

-

بدون الگوهای نواری تشخیص مشابهت های کروموزومی می تواند فقط بر اساس اندازه کروموزوم ها و موقعیت سانترومرها، محل تراکم ثانویه مشخص گردد. با به کار بردن تکنیک باندینگ، کروموزوم ها به صورت نوارهای تاریک و روشن دیده می شوند که مقایسه تشابه آنها ساده تر می گردد. روشهای Bonding، الگوهای نوار بندی بطور مؤثر در ماهیان کار نشده است. مطالعات تنوع سیتوژنتیکی و در آبزیان بیشتر برای درک مفاهیم تکاملی و فیلوژنتیکی استفاده می گردد. تکوین تعداد کروموزوم ها در سخت پوستان، نرمتنان، Chordata, Annelida, Platyhelminthis تا کنون مطالعه شده است. مطالعات مورفولوژی کروموزومی در Gastropoda, Bivalvia, Carciformes انجام شده است. NOR-باندینگ در C, Ciprinidae، باندینگ در Belnida، باندینگ با آنزیم های برشگر در Salmonidae انجام شده است (Beaumont, 1994).

کاریوگرام: اگر کروموزومهای حقیقی بر اساس عدد دیپلوئید نشان داده شوند تصویرهای حاصل کاریو گرام نامیده می شود.

اهمیت تهیه کاریو تایپ ماهیان

- دستکاریهای کروموزومی شامل ماده زایی - دو رگه کیوی - تولید تریپلوئیدی و....
- بررسی های تاکسونومیک : ماهیانی که دارای شباهت مرفولوژیک هستند ممکن است از نظر تعداد و انواع کروموزوم ها با یکدیگر تفاوت داشته باشند.
- اصلاح نژاد
- ناهنجاریهای کروموزومی ناشی از آلودگیهای محیط زیست که بعضاً می توانند از نسلی به نسل بعد به ارث برسند.
- از حدود ۲۰۰۰۰ گونه ماهی که تا کنون شناخته شده است فقط تعداد کروموزومهای ۷۰۰ تا ۷۵۰ گونه ماهی تعیین شده است (Gold & power, 1990).

روش های تهیه گسترش های کروموزومی

الف) روش غیر مستقیم

(کشت گلبولهای سفید خون) از زمانی که نوول در سال ۱۹۶۰ کشف کرد که ماده موکو پروتئین گیاهی فیتو هما گلوتی نین (phytohaemagglutinin) یا (PHA) در کشت های لنفوسیتی باعث وقوع میتوز در سلولها می شود کشت بافت خونی در تعدادی از گونه ها برای مطالعات کروموزومی مورد استفاده قرار گرفت. روشهای کشت گلبولهای سفید خون برای ماهی قزل آلا ی رنگین کمان توسط (Heckman, 1971) (Grammelt vedt. 1974) و توگارد در سال ۱۹۷۶ گزارش گردیده است. از سرم جنین گوساله (Fcs) ، (fetal calf serum) نیز می توان به عنوان میتوزن (محرک میتوز) می توان استفاده کرد.

کشت بافت خونی روش بسیار خوبی برای دستیابی به کروموزوم ها و دسته بندی (banding) آنها در ماهیان می باشد و ضمناً در این روش به خود ماهی آسیبی وارد نمی شود .
به طور خلاصه روش کشت گلبولهای سفید خون شامل مراحل زیر است:

۱- ابتدا از ماهی مورد نظر مقداری خون (در حدود ۲CC) تهیه نموده و آن را در لوله حاوی هپارین می

ریزیم

۲- سپس نمونه خونی را سانتریفوژ نموده تا گلبولهای سفید و پلاسما ی خون از یکدیگر جدا شوند.

۳- سانتریفوژ مجدد- حدود ۱CC پلاسما ی غنی از لکوسیت را به دست می آوریم .

۴- سپس پلاسما ی مذکور را در محیط کشت های حاوی سرم جنین گوساله ، فیتوهما گلو تی نین و آنتی بیوتیک در دمای 20°C انکو باسیون می گردد.

۵- پس از ۵ روز به محیط کشت ، کلشی سین (colchicine) اضافه می گردد که نقش کلشی سین ممانعت از تشکیل دوک تقسیم می باشد.

۶- سانتریفوژ

۷- هیپوتونیزاسیون سلول ها توسط محلول (کلرید پتاسیم -سیترات سدیم - آب مقطر و...)

۸- سانتریفوژ

۹- اضافه کردن محلول سرد تثبیت کننده کارنوی (carnoy fixative) شامل (متانول و اسید استیک به نسبت ۳ به ۱)

۱۰- سانتریفوژ

۱۱- در نهایت حدود ۰/۵CC سوسپانسیون سلولی را جدا نموده و دو قطره آن را روی یک لام تمیز از فاصله ۵۰ تا ۷۰ سانتی متری می چکانیم و لامهای تهیه شده در دمای آزمایشگاه خشک می شوند.

۱۲- لامها به وسیله گیمسای ۵ درصد رنگ آمیزی می شوند و بعد از خشک شدن لامها آنها را مورد مطالعه میکروسکوپی قرار داده و از گسترش های مناسب به وسیله یک دستگاه میکروسکوپ دوربین دار عکس هایی تهیه می شود . بهترین عکس ها برای تهیه کاریو تایپ مورد استفاده قرار می گیرد.

ب) - روش مستقیم

۱- تهیه گسترش های کروموزومی در مرحله (alevin) جذب کیسه زرده در مرحله جنینی تخم ها تهیه گسترش های کروموزومی در مرحله لاروی ماهیان ، امکان دستیابی به کروموزوم های متافازی را افزایش داده و اصولا به دلیل سرعت رشد و تقسیم سلولس در این مرحله ، اندیس متافازی در گسترش ها بالاتر خواهد بود.

- خلاصه روش تهیه گسترش های کروموزومی در مرحله لاروی به شرح زیر می باشد

۱- ابتدا لارو ها را در محلول کلشی سین غوطه ور می گردند.

۲- لاروها را خرد و قطعه قطعه می کنند

۳- در محلول هیپوتونیک (کلرید پتاسیم سیترات سدیم ...) قرار می دهند.

۴ - سانتریفوژ

۵- در محلول کارنوی تثبیت می کنند

۶- به مدت نیم ساعت نمونه ها را در یخچال قرار می دهند.

۷- از سوسپانسیونی که بدین طریق به دست آمده است یک یا چند قطره بر روی یک لام سرد (cold

slide) می چکانند

۸- پس از خشک شدن لامها با معرف گیمسا رنگ آمیزی می کنند و پس از خشک شدن نهایی لامها می توان کروموزوم های متافازی را توسط میکروسکوپ مشاهده کرد.
تهیه گسترش های کروموزومی در مرحله جنینی عیناً مانند مرحله لاروی است با این تفاوت که تخم ها حاوی جنین را بعد از قرار دادن در محلول کلشی سین به محلول نمک ۰/۸ در صد منتقل ساخته تا جنین ها از پوسته تخم جدا شوند.

۲-تهیه گسترش های کروموزومی در مرحله انگشت قدی و پس از آن

که به اختصار شامل مراحل زیر است.

الف) *invivo treatment* این مرحله عموماً شامل تزریق یک ماده شیمیایی متوقف کننده میتوز مثل کلشی سین به داخل بدن ماهی می باشد. ورود این ماده در بدن ماهیان و مجاورت آنها با سلولهای بدن تقسیمات میتوزی را در مرحله متافازی تثبیت می کند. که قبل از تزریق ماهیان را توسط محلول **MS222** بیهوش می کنند.

ب) برداشت سلول یا بافت: که برای این منظور از بافت اندام های مختلف بدن ماهی شامل کلیه - طحال - کبد - قلب - بیضه (در هنگام اسپر ماتوریز) ، اپی تلیال آبششها ، فلسها، قرنيه ماهیان کوچک حتی مایع حفره شکمی استفاده می شود. اما از آنجا که بافت خونساز غالب ماهیان در کلیه آنها قرار داشته و شامل سلولهای خونی فراوان در حال تقسیم می باشد بهتر است از این بافت و ترجیحاً از بخش قدامی کلیه نمونه برداری کرد.

پ) هیپوتونیزه کردن: این امر بدین خاطر است که اصولاً در محلول هیپوتونیک غلظت بافت کمتر بوده و بنابراین بافت می ترکد و محتویات بافت وارد محلول می شود در این حالت کروموزوم های متافازی از درون سلول قابل دسترسی می گردند. از **kcl**، سترات سدیم و آب مقطر استفاده می شود.

ت) تثبیت کردن نمونه ها: که از محلول تثبیت کننده کارنوی استفاده می شود.

ث) تهیه گسترش های کروموزومی: تمیز بودن لامها تأثیر مهمی بر کیفیت گسترش کروموزومی تهیه شده خواهد داشت. برای این منظور لامها را در آب جوش محتوی مواد پاک کننده جوشاننده پس از شست شو با آب مقطر آنها را خشک و توسط پارچه آغشته به اتانول کاملاً تمیز می کنند. گسترش ها بر روی لام سرد یا گرم تهیه می شوند. برای تهیه لام سرد می توان آن را درون فریزر قرار داد و برای تهیه لام گرم نیز بوسیله لام گرم کن می توان تهیه کرد. چند قطره از سوسپانسیون سلولی را از فاصله (60cm-100cm) روی چند لام تمیز می چکانیم و این گسترش ها را در هوای آزاد خشک می کنیم.

ج) رنگ آمیزی گسترشها: بوسیله گیمسای ۵ درصد یا ۱۰ درصد می باشد پس از رنگ آمیزی گسترش ها در هوای آزاد خشک می گردند.

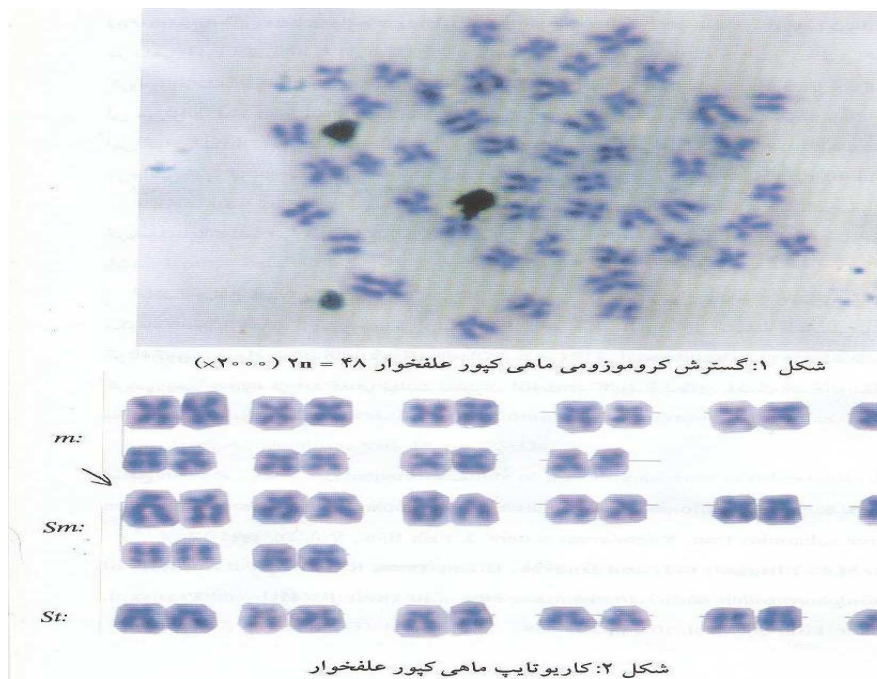
چ) بررسی و تجزیه و تحلیل کروموزوم ها : گسترش ها را با استفاده از یک فتو میکروسکوپ با درشت نمایی $\times 1000$ کروموزوم ها را جستجو و بررسی نموده معمولا بر روی هر گسترش ممکن است چند متافاز کروموزومی دیده شود که از بهترین آنها ممکن است عکس گرفته شود.

کاربوتایپ انواع ماهیان :

۱- کاربوتایپ ماهی کپور علفخوار (آمور) با استفاده از روش کشت گلبولهای سفید خون توسط (فشخامی و همکاران، ۱۳۸۱) تعیین شد. برای تعیین تعداد کروموزوم ها، ۴۷ پلاک متافازی به دست آمده از ۳ عدد ماهی آمور مورد آزمایش بررسی شد و تعداد کروموزوم ها در هر یک از پلاک های متافازی شمارش گردید.

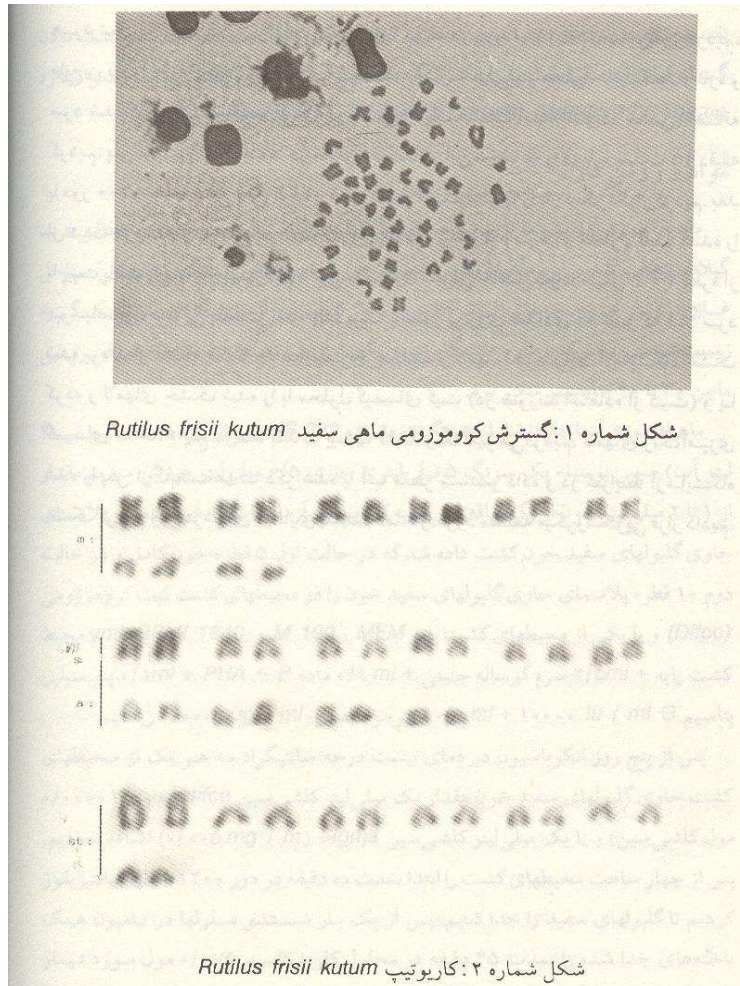
تعداد کروموزوم های ماهی آمور با توجه به جدول و با استفاده از فرمول محاسبه میانگین $2n=48$ تعیین گردید. در کاربو تایپ تهیه شده ای از این ماهی $(10m+8sm+6st)$ وجود دارد. با توجه به کاربو تایپ تهیه شده تعداد بازوهای کروموزومی $NF=84$ تعیین گردید و بزرگترین کروموزوم در کاربوتایپ تهیه شده از این ماهی یک جفت کروموزوم ساب متاستریک می باشد(که با فلش در شکل ۲ مشخص شده است).

۴۵	۴۶	۴۷	۴۸	تعداد کروموزوم ها در هر پلاک متافازی
۱	۳	۴	۳۹	تعداد پلاک های متافازی



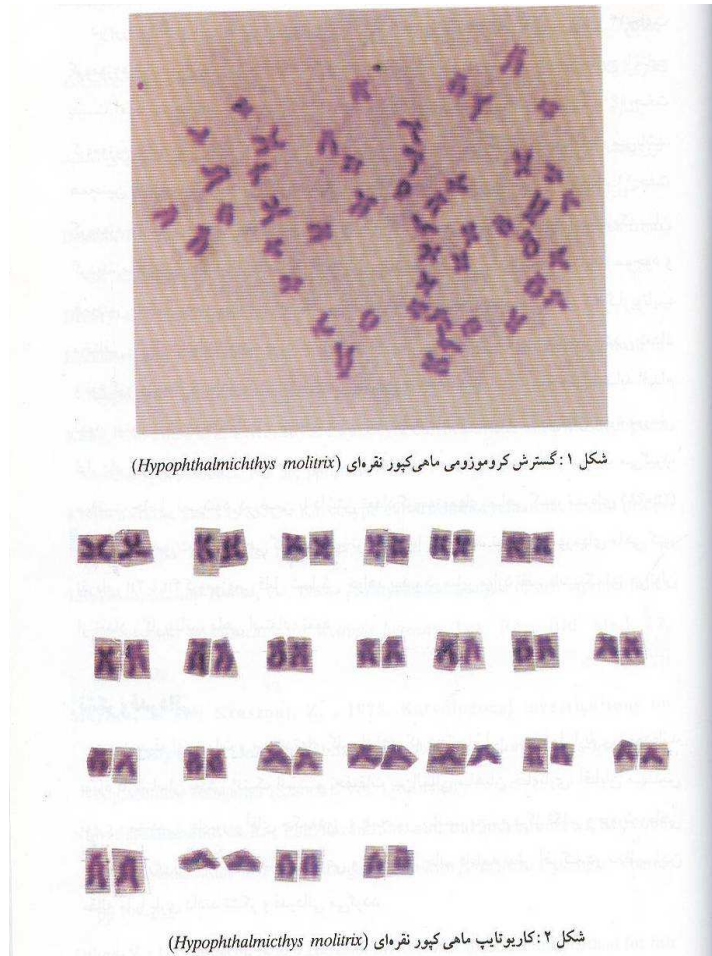
۲- با استفاده از روش کشت گلبولهای سفید خون کاریو تایپ ماهی سفید *Rutilus frissi kutum* توسط (فشخامی، همکاران ۱۳۷۴) تعیین شد که با بررسی پنجاه پلاک متافازی ماهی سفید نتایج زیر را به دنبال داشت که تعداد کروموزوم ها در ماهیان سفید مورد مطالعه $NF=86, 2n=50$ می باشد. در کاریو تایپ تهیه شده از این ماهی ها $(8m+10sm+7st)$ وجود داشت و بزرگترین کروموزوم در زیر گونه مورد بررسی یک جفت کروموزوم ساب تلوسنتریک بود.

۴۵	۴۶	۴۷	۴۹	۵۰	تعداد کروموزوم های هر پلاک متافازی
۱	۳	۲	۵	۳۹	تعداد پلاک های متافازی



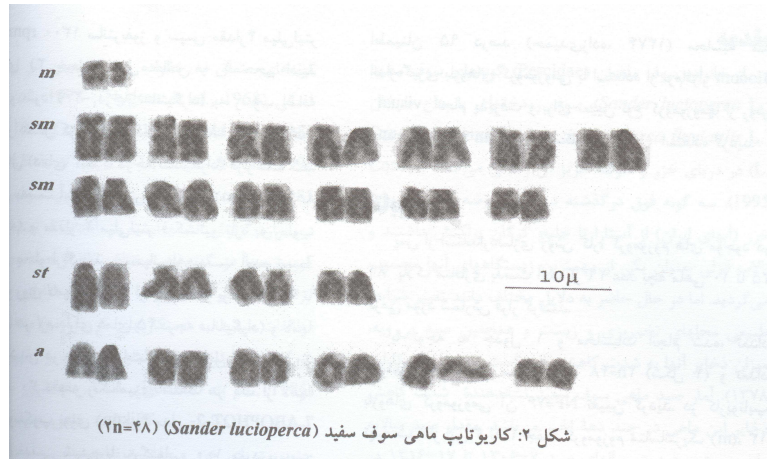
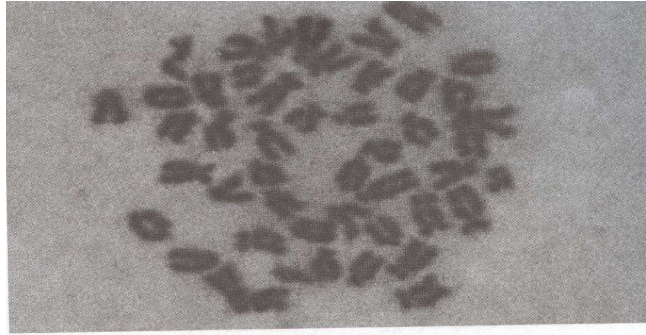
۳- با استفاده از روش له کردن بافت و رنگ آمیزی گیمسا (نمونه از بافت های کلیوی و جنینی) کاریو تایپ ماهی کپور نقره ای (فیتوفاگ) توسط (وارسته و همکاران، ۱۳۸۰) تعیین شد . در آزمایشاتی که روی ۸۰ عدد لارو و ۱۰ عدد بچه ماهی ۱ تا ۸ گرمی فیتوفاگ و با شمارش تعداد ۳۰ عدد گسترش کروموزومی انجام گرفت که تعداد کروموزوم های ماهی کپور نقره ای $2n=48$ و تعداد بازوهای کروموزومی $NF=88$ تعیین گردید. در بررسی کاریوتایپ تهیه شده از این ماهی $(6m+14sm+4a)$ وجود داشت.

۴۶	۵۰	۴۹	۴۷	۴۸	تعداد کروموزوم در پلاک متافازی
۱	۱	۳	۴	۲۱	تعداد پلاک متافازی



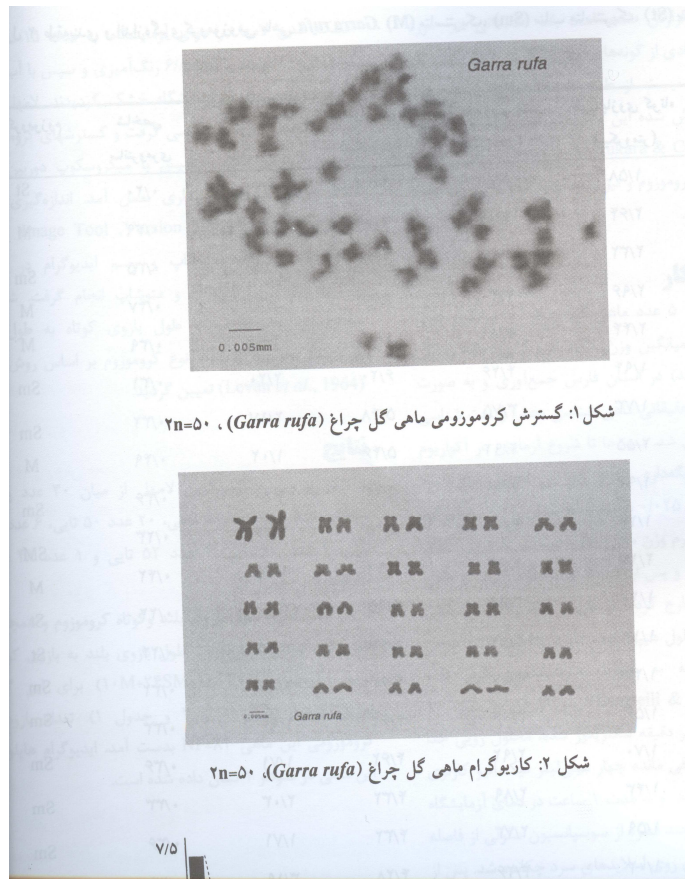
۴- با استفاده از این روش له کردن بافت کاریو تایپ ماهی سوف سفید حوضه جنوبی دریای خزر (*Sander lucioperca*) توسط (میری و همکاران ، ۱۳۸۴) تعیین شد و در آزمایشاتی که روی ۲۹ عدد بچه ماهی سوف ۱۰ تا ۲۵ گرمی انجام شده و با شمارش تعداد ۸۱ پلاک متافازی بدست آمده با توجه به جدول ۴ و محاسبات انجام شده : تعداد کروموزوم های ماهی سوف سفید $2n=48$ و تعداد بازو های کروموزومی آن $NF=76$ تعیین گردید. در کاریو تایپ تهیه شده از این گونه $(1m+13sm+4st+6t)$ وجود داشت.

۴۴	۴۶	۴۷	۴۸	تعداد کروموزوم ها در پلاک متافازی
۲	۴	۷	۶۸	تعداد پلاک متافازی



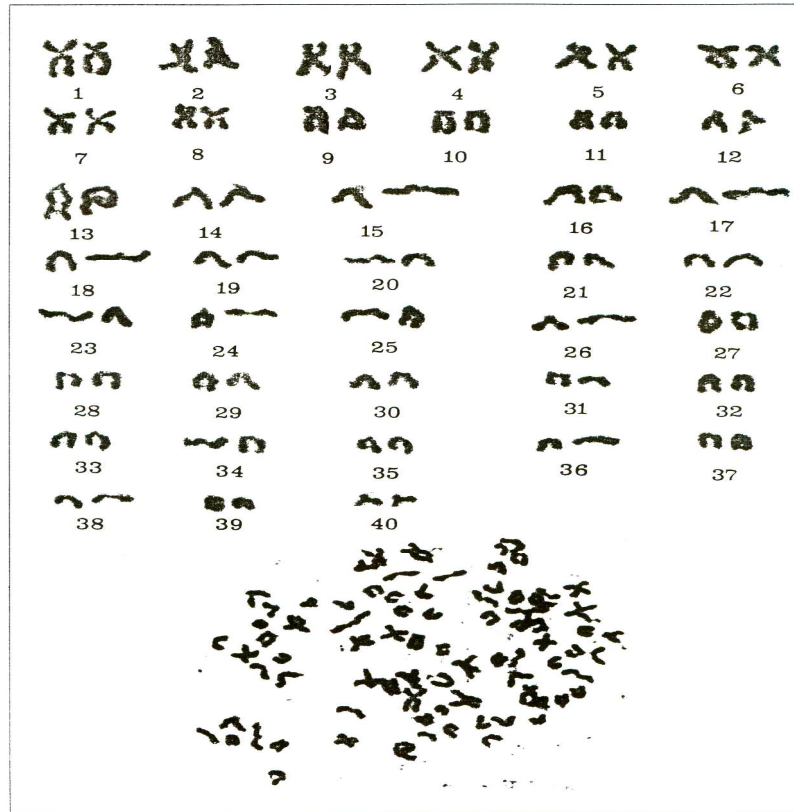
۵- با این روش له کردن بافت کاربو تایپ ماهی گل چراغ (heckel,1843) *Garaa rufa* توسط (اسماعیل و پیرآور ۱۳۸۶) تعیین شد. در آزمایشاتی که روی ۵ عدد ماهی گل چراغ با میانگین وزن ۱/۳۹ گرم که از رودخانه رود بال فیروز آباد در استان فارس صید شده بود در بررسی ۳۰ عدد پلاک متافازی شمارش شده ، تعداد کروموزوم های ماهی گل چراغ $2n=50$ و تعداد بازوهای کروموزومی $NF=84$ تعیین گردید. در بررسی کاربو تایپ ماهی گل چراغ ($5m+12sm+8st$) وجود داشت.

۴۸	۵۲	۴۷	۴۹	۵۰	تعداد کروموزوم ها در پلاک متافازی
۱	۱	۲	۶	۲۰	تعداد پلاک متافازی



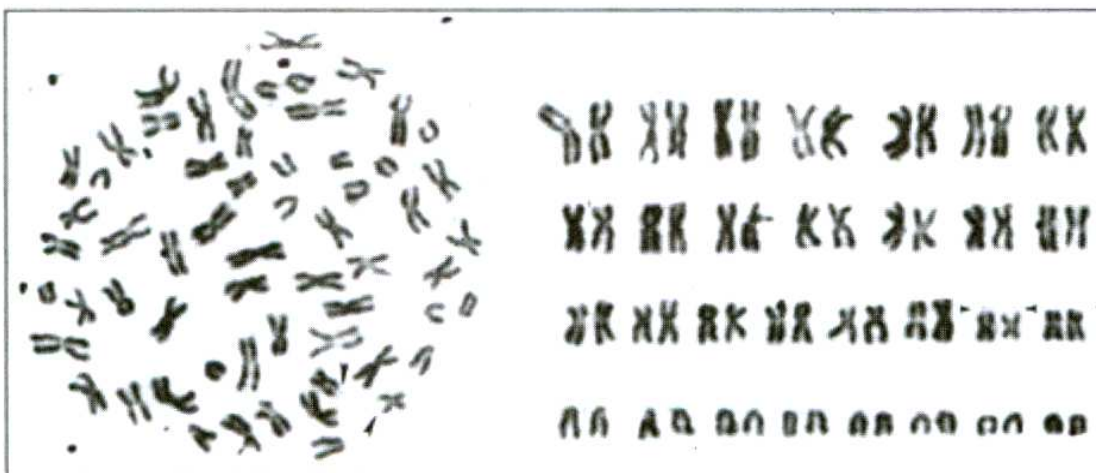
۶- با استفاده از روش له کردن بافت کاریو تایپ ماهی آزاد دریای خزر *caspius salmo trutta* توسط *kessler* (توکلیان، ۱۳۸۰) تعیین شد با توجه به آزمایشاتی که روی جنین لارو، بچه ماهی انگشت قد و ماهی یک ساله صورت گرفت ۶۰ پلاک متافازی حاصل از مراحل مختلف تکاملی بررسی شد که نتایج در جدول زیر آمده است. متوسط عدد کروموزومی این ماهی $2n=80$ در نظر گرفته شد و تعداد بازوهای کروموزومی $NF=104$ به دست آمد. در بررسی کاریو تایپ تهیه شده از آن $(3m+9sm+28st)$ وجود داشت.

۸۰	۷۶ کروموزوم	کمتر از ۴۰ عدد	تعداد کروموزوم در پلاک متافازی
۳۶	۹	۱۵	تعداد پلاک متافازی



نصویر ۴-۳- پلاک متافازی و کاربوغرام $2n = 80$ ماهی آزاد دریای خزر

۷- با استفاده از روش له کردن بافت و رنگ آمیزی گیمسا تایپ ماهی قزل آلاهی رنگین کمان توسط (کلباسی و خضاب، ۱۳۷۹) با استفاده از جنین لارو fry قزل آلاهی رنگین کمان تعیین شد. که تعداد کروموزوم های این ماهی $2n=60, NF=104$ تعیین شد و با بررسی کاربوغرام تایپ کروموزوم های حدواسط بین $(22m-sm+8st-t)$ وجود داشت.



۸- با استفاده از روش کشت گلبولهای سفید خون کاریو تایپ فیل ماهی *Huso huso* ماهی اوزون برون *A.STELLATUS* و قروبرون *A.PERSICUS* متعلق به حوضه جنوبی در یای خزر تعیین شد (توسط فشخامی، همکاران ۱۳۷۴). این آزمایش بر روی ماهیان بزرگ صید شده توسط صید گاههای بزرگ منطقه غرب گیلان و ماهیان کوچک پرورش یافته انجام گرفت. برای گونه فیل ماهی در پنجاه پلاک متافازی خوب پخش شده توزیعی وجود داشت. تعداد کروموزوم ها در این گونه با توجه به جدول $2n = 17 \pm$ 115 محاسبه گردید و تعداد بازو های کروموزومی برای کاریو تایپ تهیه شده با $2n=116$ برابر با $NF=356$ تعیین گردید.

۱۱۸	۱۱۷	۱۱۶	۱۱۵	۱۱۴	۱۱۲	۱۱۰	۱۰۵	تعداد کروموزوم در پلاک متافازی
۱۱	۱	۱۰	۱	۱۴	۸	۴	۱	تعداد پلاک های متافازی



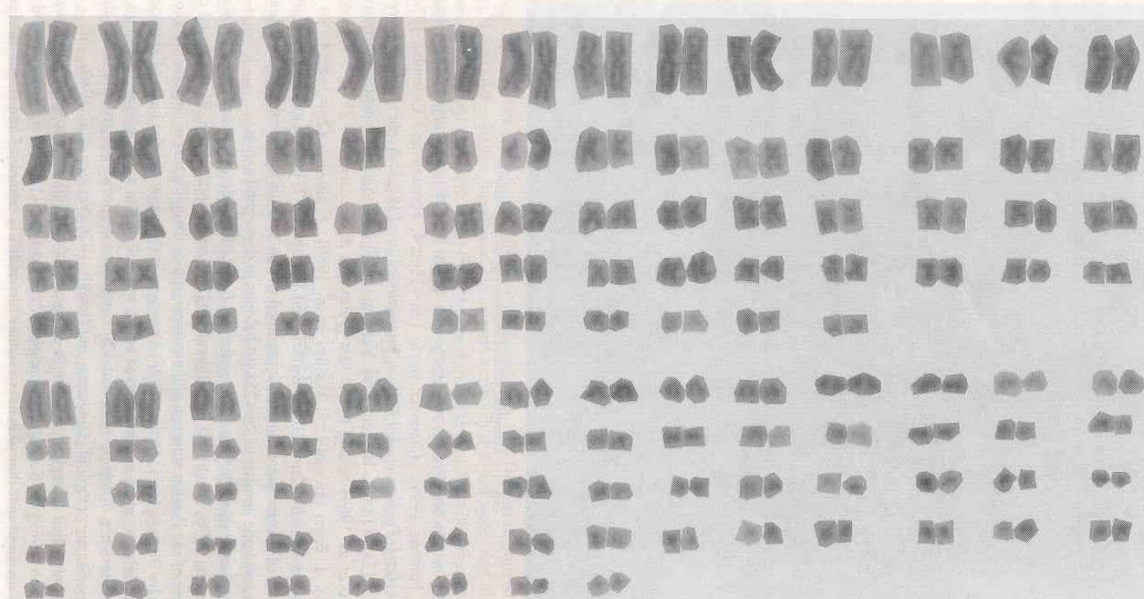


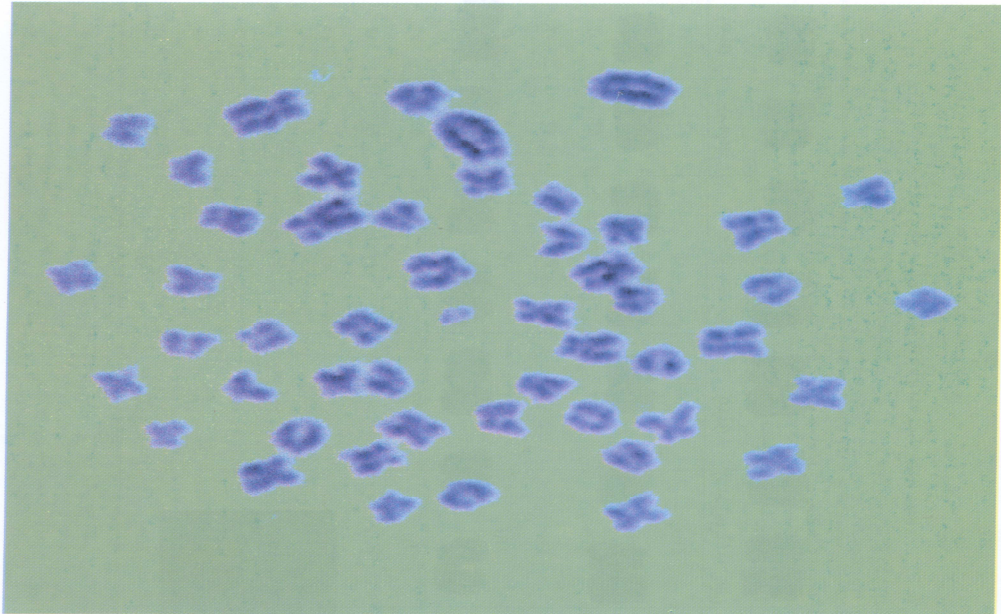
Fig. 2. Karyotype of *Acipenser persicus* ($2n=262$). The meta- and submetacentric chromosomes were aligned in order of declining size, followed by the acrocentric and microchromosomes ($\times 2000$).

در مورد گونه *A. Stellatus* (اوزون برون) در پنجاه پلاک متافازی خوب پخش شده توزیعی مطابق جدول ۸ بدست آمد. تعداد کرو موزوم ها در این گونه $1 \pm 2n=114$ محاسبه گردید. تعداد بازو های کرو موزومی برای کاریو تایپ های تهیه شده با $2n=118$ برابر با $NF=372$ تعیین گردید و در مورد گو نه قره برون $2n=262$ تعیین گردید.

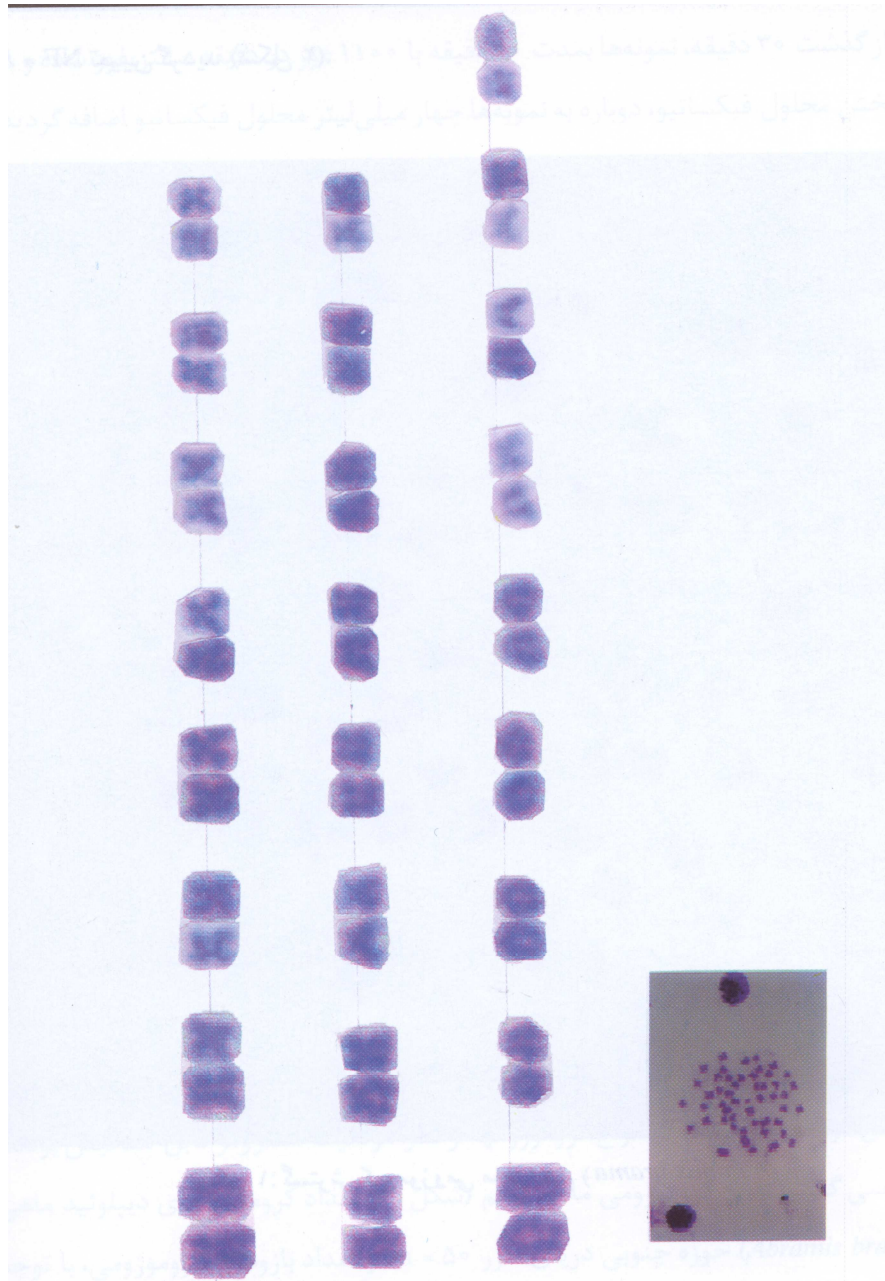
۱۱۸	۱۱۷	۱۱۶	۱۱۴	۱۱۲	۱۱۰	۱۰۷	تعداد کرو موزوم ها در پلاک متافازی
۵	۱	۱۳	۱۲	۱۰	۸	۱	تعداد پلاک های متافازی

مشکل در مورد مطالعات کرو موزومی ماهیان خاویاری وجود تعداد زیادی کرو موزوم ریز تحت عنوان میکرو کرو موزوم می باشد که امکان دقیق تعداد کرو موزومها و بازو های کرو موزومی، همچنین نوع کرو موزومهای آنها را مشکل نموده است.

۹- با استفاده از روش له کردن بافت های قسمت قدامی کلیه و آبشش کاربو تایپ ماهی سیم *Abramis brama* حوضه جنوبی دریای خزر توسط (نهاوندی و همکاران ۱۳۸۰) تعیین شد. با بررسی کروموزومهای پلاک های متافازی عدد کروموزومی این ماهی $2n=50$ و تعداد بازو های کروموزومی $NF=82$ تعیین گردید. در کاربو تایپ تهیه شده از این ماهی $(8m+8sm+9a)$ وجود داشت.



شکل ۱: گسترش کروموزومی ماهی سیم (*Abramis brama*)



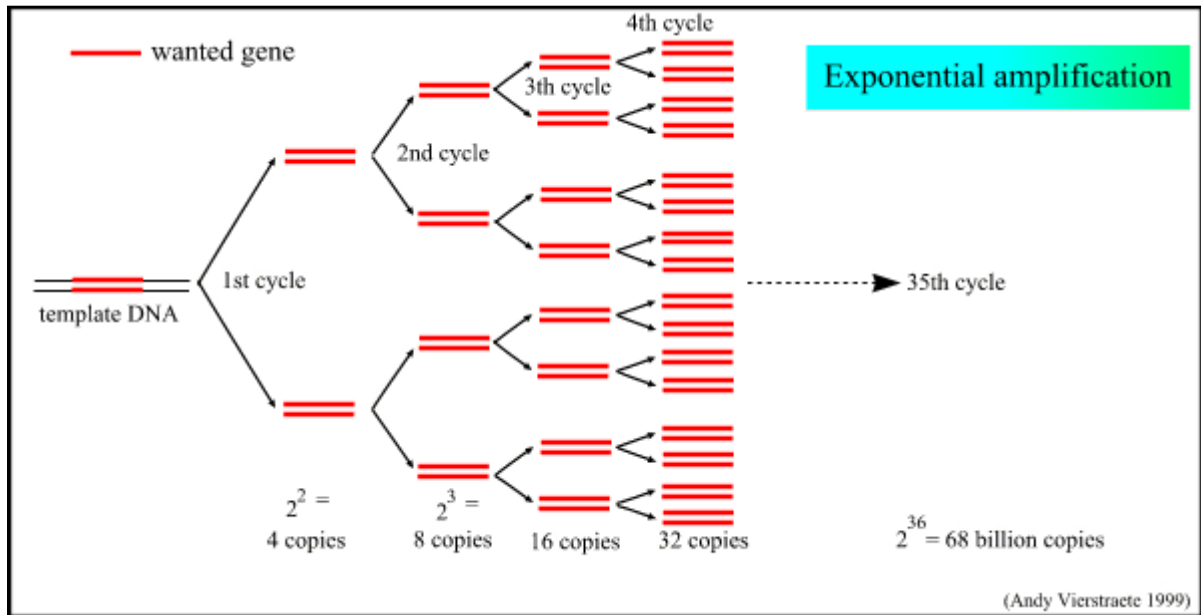
شکل ۲: کاریوتایپ ماهی سیم (*Abramis brama*)

واکنش های زنجیره ای پلیمراز: (PCR):

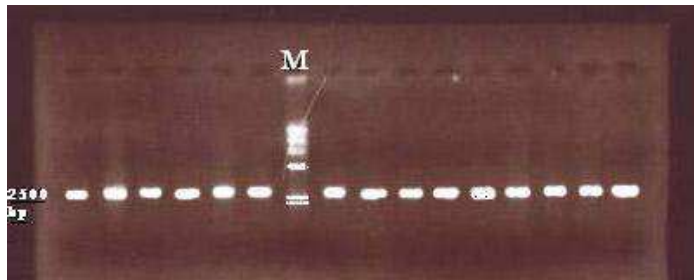
واکنش زنجیره ای پلیمراز، یک تکنیک آزمایشگاهی است که امکان تکثیر قطعه خاصی از DNA که بین دو توالی شناخته شده وجود دارد را امکان پذیر می سازد. تکثیر DNA پس از چسبیدن آغاز گر به انتهای توالی مشخص از DNA الگوصورت می گیرد.

از زمان ابداع این تکنیک در سال ۱۹۸۲ توسط کری مولیس، بسیاری از روشهای ژنتیک مولکولی توسعه یافته اند که برخی از آنها امکان تعیین پلی مورفیسم DNA را فراهم می نماید. تکثیر DNA با استفاده از تکنیک PCR امکان آزمون تغییرات ژنتیکی در جمعیت های ماهی در طول صد سال یا بیشتر را با استفاده از نمونه های موجود در آزمایشگاه فراهم نموده و بنابراین حیاتی تازه به بسیاری از کلکسیون های فلس در آزمایشگاه های شیلاتی و نمونه های موزه ها در سراسر جهان داده است (Ferguson, 1995). تکثیر ژن از طریق PCR و در محیط خارج از سلول روش های دست ورزی اسید نوکلئیک مانند همسانه سازی، توالی یابی، هیبریداسیون با کاوشگرها را بسیار ساده می سازد. در این روش سنتز رشته مکمل DNA با استفاده از dNTP آغازگرها $MgCl_2$ و با فر PCR و در حضور آنزیم پلی مرز صورت می گیرد.

PCR شامل یک سری دوره های حرارتی است که هر دوره (سیکل) با یک مرحله واسرشته سازی (Denaturing) در دمائی حدود ۹۲ تا ۹۶ درجه سانتیگراد آغاز می گردد تا DNA از حالت دو رشته ای به حالت تک رشته ای تبدیل گردد. پس از آن یک مرحله اتصال (Anneling) در دمای حدود ۳۵ تا ۶۵ درجه سانتیگراد وجود دارد که طی آن آغازگرها به توالی مکمل خود روی رشته DNA الگو متصل شده (انتهای هیدروکسیل^۳ آنها رو به سوی ناحیه هدف قرار می گیرد) در مرحله سوم در دمای حدود ۷۲ درجه سانتی گراد هر آغازگر در طول ناحیه هدف از طریق آنزیم DNA پلیمراز بسط می یابد (Extention). دوره های متوالی سه مرحله ای واسرشت شدن DNA الگو، اتصال آغازگر و بسط آغازگرهای اتصال یافته منجر به افزایش یک قطعه خاص DNA می شود. محصولات دوره اول و دوم طول مشخصی ندارند ولی در دور سوم قطعاتی ساخته میشوند که دارای طول مشخصی هستند که این طول بستگی به موقعیت اولیه آغازگرها روی رشته DNA اصلی دارد. از دوره چهارم به بعد توالی هدف بطور نمائی تکثیر می شود (Phillips and Vasil, 2001).



شکل شماتیک تکثیر یک قطعه از ژن با استفاده از PCR



محصول PCR تکثیر شده توسط پرایمرهای $ND5/6$ میتوکندریایی (ژل آگارز ۱/۵ درصد)

نشانه‌های ژنتیکی (Genetic Marker):

هر فنو تیپ یا صفت (قابل توارث) موجود زنده که با صفت معادل خود در موجود زنده دیگر تفاوت داشته باشد یک نشانگر محسوب می شود. نشانگرهای ژنتیکی جایگاههای خاص روی یک کروموزوم دارند که به عنوان نشانه‌های اختصاصی برای تجزیه و تحلیل‌های ژنومی به خدمت گرفته میشوند. در واقع تفاوت موجود بین ردیف DNA کروموزوم در افراد یک جامعه و یا نژاد که از افراد به نتاج آنها منتقل می گردد می تواند به عنوان نشانه یا نشانگر ژنتیکی به کار گرفته شود. برای آنکه صفتی بعنوان نشانگر ژنتیکی استفاده

شود بایستی حداقل واجد دو ویژگی متفاوت بودن در بین دو فرد (بروز چند شکلی)، همچنین قابلیت توارث داشته باشد. نشانگرهای ژنتیکی به عنوان ابزاری برای تهیه نقشه های پیوستگی مولکولی و ارزیابی جایگاههای ژنتیکی چند شکلی در صفات اقتصادی کمی کاربردهای بالقوه ای را در برنامه های اصلاحی حیوان و گیاه پیدا کرده اند.

۱- تخمین تنوع ژنتیکی با استفاده از نشانگرهای ژنتیکی :

تخمین ترکیب ژنتیکی افراد، مجموعه های ژنتیکی و قرابت بین آنها از گذشته های دور معمول بوده است و بیشتر براساس صفات مرفولوژیک و اخیرا با استفاده از نشانگرهای پروتئینی مانند ایزوزایم ها صورت گرفته است. گرچه این نشانگرها و روشهای متناظر تخمین تنوع ژنتیکی در جای خود بسیار مفید و سودمند است، اما اخیرا استفاده از نشانگرهای مولکولی DNA، تفاوت های ژنتیکی را بیشتر مشهود ساخته که این تفاوتها تحت تاثیر محیط و اثراتی همچون پلیوتربری و اپیستازی و دوره رشد حیوانی نبوده و امکان آگاهی دقیق و کافی از تنوع ژنتیکی در سطح DNA را فراهم می سازد. (قره یاضی، ۱۳۷۵)

۲- نشانگرهای مورفولوژیکی:

نشانگرهای مورفولوژیکی به علائمی گفته می شود که به طور مستقیم در فنوتیپ جانور و گیاه قابل تشخیص و توارث پذیر هستند (مردانی، ۱۳۷۲) مثل فلسها، اتولیتها، پارازیتها و ترکیب عنصری قسمتهای مختلف بدن، چند نمونه از صفات مرفولوژیک قابل اندازه گیری در ماهیان عبارتند از: طول کل، طول فورک، طول پوزه، ارتفاع سر، قطر افقی چشم،..... اگر چه نشانگرهای مورفولوژیکی به طور سنتی در علوم زیستی مورد استفاده قرار گرفته اند ولی دارای محدودیتهای اساسی همچون تعداد کم این نشانگرها، دقت کم، تاثیر پذیری شدید از محیط و مرحله رشد و سن و وجود غالبیت در بروز می باشند. اساس و تفسیر ژنتیکی بسیاری از این نشانگرها نا مشخص بوده و شناسایی افراد ناخالص از خالص ممکن نیست. اما به دلیل ساده و کم هزینه بودن و عدم نیاز به امکانات پیچیده و گران قیمت برای اندازه گیریها محققین بسیاری از این نشانگرها استفاده می نمایند (Morgan, 1961).

۳- نشانگرهای سیتوژنتیکی:

وجود اختلاف در شکل، اندازه و تعداد کروموزومها می تواند بیانگر وجود اختلاف ژنتیکی باشد. بنابراین این نشانگرها نمایانگر تنوع در ساختمان کروموزومها می باشد. تلوسانتريکها، ایزوکروموزومها جابجایی و الگوهای بایندینگ از این گروه هستند. مطالعات سیتو ژنتیکی به منظور مقایسه اختلافات موجود بین

افرادیک گروه و آشکار شدن مسیر تکاملی تغییرات در کروموزومهای تشکیل دهنده ژنوم ، تفکیک گونه ها و بعضا جمعیت های مختلف از نظر تعداد و نوع کروموزومها انجام می گیرد . (جوانروح علی آباد، ۱۳۸۱).

۴- نشانگرهای مولکولی:

هر گونه تفاوت در ترتیب نوکلئوتیدی DNA که از والدین به نتاج قابل انتقال باشد به عنوان نشانگر مولکولی به کار گرفته می شود و به دو دسته نشانگرهای مبتنی بر پروتئین و مبتنی بر DNA تقسیم می شوند

۵- نشانگرهای پروتئینی:

برخی از تفاوتها در ترتیب نوکلئوتیدی DNA بین دو موجود ممکن است که به صورت پروتئین هایی با اندازه های مختلف بروز کند که از طریق بیوشیمیایی قابل آنالیز و مطالعه است . این نشانگرها را نشانگر پروتئینی می گویند که به دو نوع آنزیمی و غیر آنزیمی تقسیم می شوند مطالعات ابتدائی برای شناسایی جمعیتهای ماهی با استفاده از مارکهای غیر آنزیمی مثل هموگلوبین و ترانسفرین بود که به سرعت به سمت پروتئینهای آنزیمی تمایل پیدا کرد (Smithies, 1995). آنزیم های موجود در هر فرد ممکن است دارای بیش از یک فرم مولکولی باشند . فرم های مولکولی متفاوت یک آنزیم در یک فرد ایزوزایم می نامند. ساختمان اولیه ایزوزایم ها از این جهت متفاوتند که به وسیله ژنهای متفاوت کدگذاری می شوند و در نتیجه چنین ساختمان مولکولی متفاوت یک آنزیم که دارای فعالیت آنزیمی (کاتالیزوری) یکنواخت و مشخص هستند را اصطلاحا ایزوزایم گویند محصولات ایزوزایم دوالل متفاوت در یک لوکوس به عنوان آلوزایم شناخته میشوند. به عبارت بهتر آلوزایمها به زیر گروهی از ایزوزایم ها اطلاق می شوند که از اللهای مختلف یک لوکوس معین ایجاد می شوند هنگامی که دوالل از یک لوکوس بوجود می آیند ، شکلهای مختلف الکتروفورتیکی هنوز نقش های معینی را ایفاء می کنند . پروتئین های حاصل از این اللهای تحت عنوان الوایم شناخته می شوند (Carvalho, 1998).

از عیوب نشانگرهای پروتئینی می توان به نیار به مقدار زیادی نمونه تازه یا تازه فریز شده (کشتن موجود زنده) پلی مورفیسم پائین و محدودیت روشهای رنگ آمیزی ، مشکل بودن آنالیز داده ها بخصوص در پلی پلوئیدها اشاره کرد . (Ferguson , 1995)

۶- نشانگر DNA :

تفاوتهای موجود در سطح DNA که هیچ گونه تظاهری ندارند ، نه صفت خاصی را کنترل می کنند و نه در ردیف اسیدهای آمینه رشته های پلی پلوئیدی تاثیر بر جا می گذارند در واقع نشانگرهای DNA چند شکلی موجودات را در سطح DNA تعیین می کنند این نشانگرها ژنوتیپ موجودات را توصیف می کنند و

در نتیجه توالیهای کد کننده و غیر کد کننده را در بر می گیرد. بررسی اینگونه تفاوتهاکه فقط از طریق تجزیه و تحلیل مستقیم DNA امکان پذیر است و به آنها نشانگرهای مولکولی در سطح DNA گویند. (جوانروح علی آباد، ۱۳۸۱)

فراوانی بالا، هم بازر بودن اکثر این نشانگرها، امکان به کار گیری آنها در تمام مراحل زندگی حتی دوران جنینی، عدم تاثیر از شرایط محیطی امکان استفاده از نرم افزارهای رایانه ای مختلف در آنالیز داده ها، قدرت تمایز بالای این نشانگرها نمایان ساختن تفاوت بین ترتیبهای غیر کننده علاوه بر اختلاف موجود در ترتیبهای کد کننده از مزایای این نشانگرها میباشد. این نشانگرها به دو دسته مبتنی بر PCR و غیر مبتنی بر PCR تقسیم می شوند. انواع مختلفی از این نشانگرها، با تفاوت های بسیاری از لحاظ تکنیکی، روش تولید، نحوه کاربرد و امتیاز بندی و تجزیه و تحلیل و تفسیر نتایج به سرعت ابداع گردیدند و تحولی عظیم در اطلاعات تنوع ژنتیکی ایجاد کرده اند (قره یاضی ۱۳۷۵) و به عنوان ابزارهای ضروری در ایجاد اهدافی چون نگهداری بیولوژیک مطالعات تکاملی و نیز پروژه های نقشه برداری ژنی در آمده اند (دانشور آملی، ۱۳۸۳). از ۲۴ سال گذشته توجه به نشانگرهای DNA افزایش پیدا کرده، در ابتدا DNA میتوکندریائی و سپس تکنیکهای مولکولهای پیشرفته کرده به سمت DNA هسته ای سوق پیدا کرده است (Ferguson, 1995).

جدول ۱-۲. دسته بندی نشانگرهای DNA (مردانی، ۱۳۷۲).

	RFIP ^{۵۲}	غیر مبتنی بر PCR
	VNTR ^{۵۳}	
	RLGS ^{۵۴}	
RAPD ^{۵۵}	پرایمر تصادفی	مبتنی بر PCR
DAF ^{۵۶}		
AFIP ^{۵۷}		
PBR ^{۵۸}		
Microsatellite	پرایمر هدفمند از توالی	
SSCP ^{۵۹}		
CAPS ^{۶۰}		
SCAR ^{۶۱}		
ALP ^{۶۲} , STS ^{۶۳}		

1-Restriction Fragment Length Polymorphism

2-Variabe Number of Tandem Repeat

3-Restriction Landmark Genomic Scanning

4-Random Amplification Polymorphism DNA

5- DNA Amplification Fingerprinting

6- Amplified Fragment Length Polymorphism

7- PCR-RFLP

8- Single Strand Conformation Polymorphism

9-Cleavable Amplified Polymorphism Sequence

10-Sequence Charecterized Amplified Region

11-Amplified Length Polymorphism

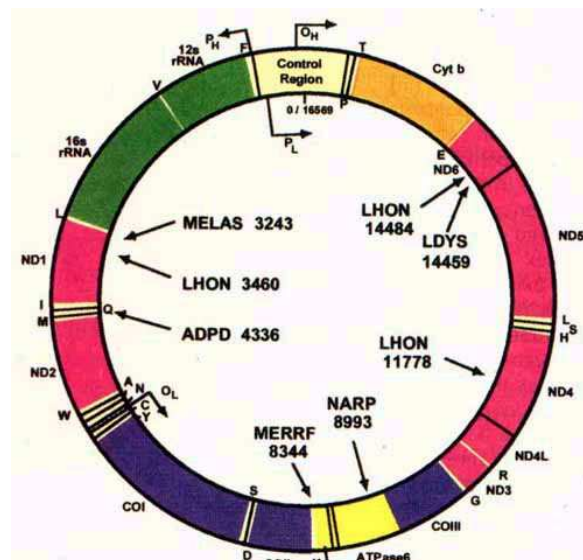
12-Sequence Tagged Site

13- Amplification Refactory Mutation System

14- Allel Specific PCR

الف) مواد ژنتیکی خارج کروموزومی (mt-DNA):

اندازه mtDNA در اکثر ماهیان حدود 16500 ± 500 جفت باز میباشد. در گونه های جانوری ژنوم میتوکندری دارای ۳۷ ژن میباشد که عبارتند از ۱۳ ژن رمز دهنده پروتیین ۲۲ ژن rRNA و یک ناحیه بعنوان آغاز همانندسازی یا D-loop. در مطالعات مختلف دو منشأ پدری و مادری برای mtDNA ثابت شده است. هر چند که ژنوم میتوکندری جانوری اغلب منشأ مادری دارد، ولی منشأ پدری ژنوم میتوکندری در دروزفیللا و موش گزارش شده است. با توجه به اینکه میتوکندری منشأ مادری دارد و نوترکیبی در آن انجام نمیگیرد لذا این خاصیت باعث بروز اختلاف ژنتیکی بیشتر در ژنوم میتوکندری نسبت به ژنوم هسته شده است. از اینرو نشانگر خوبی برای تشخیص گروههایی بوده اند که برای ۱۰، ۱۰۰ یا ۱۰۰۰ سال از هم جدا بوده میباشد. سرعت جایگزینی نوکلوتیدها در mtDNA m مهره داران عالی تقریباً ۵ تا ۱۰ برابر بیشتر از ژنوم هسته ای است که ۲ درصد تغییر به ازای هر میلیون سال میباشد. سرعت تغییرات نوکلوتیدی در نواحی مختلف ژنوم میتوکندری متفاوت است. ژنهای tRNA, rRNA نسبت به سایر قسمتها محفوظ تر و ناحیه D-loop منطقه ای است که بیشترین تغییر را دارا میباشد. این ناحیه تنوع کافی با قابلیت تمایز زیاد را در سطح جمعیت نشان میدهد. همچنین ژن سیتوکروم دارای اطلاعاتی مناسبی برای شناسایی ارتباطات فیلوژنی بین گونه هایی است که از نظر مورفولوژی خیلی بهم نزدیک هستند. بنابراین این ژنها یک نشانگر قابل اعتماد و مناسب برای مطالعات فیلوژنیک محسوب میگردد.



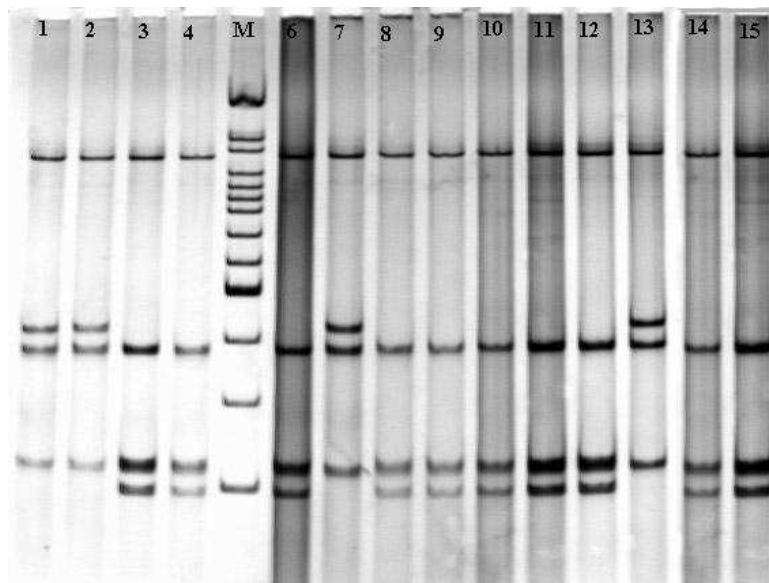
(Restriction Fragment Length Polymorphism) RFLP

Bostein و همکاران در سال ۱۹۸۰ روش تفاوت طول قطعات حاصل از هضم یا RFLP را برای مطالعه مستقیم DNA به عنوان نشانگرهای ژنتیکی جدید معرفی نمودند. اساس مولکولی RFLP ها وجود یا عدم وجود نقاط قابل تشخیص آنزیمهای محدود کننده به علت وقوع جهشهای نقطه ای حذف اضافه یا معکوس شدن قطعه ای از کروموزوم و یا سایر تغییرات ژنی - کروموزومی میباشد. کلیه این تغییرات باعث ایجاد پلی مورفیسیم میگردد. به طور کلی RFLP به دو شکل صورت می گیرد :

- هضم آنزیم و سپس الکتروفورز و استفاده از لکه گذاری سادرن

- PCR قطعه مورد نظر و هضم آنزیمی آن

فراوانی بالا، توارث همباز عدم اثرات پلیتروپی، عدم تاثیر از شرایط محیطی، قابلیت شناسایی در تمام بافتهای زنده و در تمام مراحل رشد از مزایای این نشانگر میباشد. در طبقه بندی و تعیین ژنتیکی گونه های جانوری و گیاهی و تعیین تنوع ژنوتیپی جمعیتها و تهیه نقشه های لینکاژ ژنومی مورد استفاده قرار می گیرد.



الگوی برشی ژن $5/6$ mtDNA ND تاس ماهی شیپ با آنزیم *MboI*

(ب) مواد ژنتیکی کروموزومی

(۱) Random Amplification Polymorphic DNA : RAPD

در زمانی کمتر از یکسال دو گروه مستقل، (Williams et al.1990, Welsh &McClelland 1990) روش جدیدی را برای ارزیابی پلی مورفیسم بر اساس واکنش زنجیره ای پلیمرز در انستیتوی تحقیقاتی بیولوژیک کالیفرنیا ارائه کردند. این تکنیک انگشت نگاری قابل تشخیص ژنوم بدون استفاده از سیستم های رادیو اکتیو و توالی یاب DNA برای ژنوم را فراهم کرد. هر چند اساس این دو تکنیک یکسان بوده است ولی Welsh و همکاران (۱۹۹۰) آنرا AP-PCR (Arbitrary Primed DNA) و Williams و همکاران (۱۹۹۰) آنرا RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) نامیدند. روش AP-PCR مشابه با RAPD بود و در هر دو از یک پرایمر استفاده می شود ولی غلظت پرایمر مورد استفاده در آن حدود ۱۰ برابر بیشتر است. پلی مورفیسم مشاهده شده به دلیل تفاوت توالی در یک یا هر دو جایگاه اتصال پرایمر است که در صورت حضور یا فقدان یک باند متجلی می شود. پرایمر های RAPD مختص به ژنوتیپ، گونه و جنس خاص نیست و قابل استفاده در تمام موجودات می باشد. امکان بررسی همزمان بیش از یک مکان ژنی در این تکنیک وجود دارد. این روش گرچه آسان و کم هزینه است ولی معایب فراوانی دارد که از جمله آن می توان به عدم تکرار پذیری نشانگرهای RAPD، حساسیت فوق العاده به آلودگی، عدم تشخیص سیستم آللی (به دلیل غالب و مغلوبی بودن RAPD تشخیص هموزیگوتی و هتروزایگوتی غیر ممکن است)، امتیازدهی باندها و نامعلوم بودن قرابت و شباهت باندهائی که بر روی ژل الکترو فورزی دارای مهاجرت یکسان هستند، اشاره نمود.

۲) Sequence Characterized Amplification Region : SCAR

Parden and Michelmore (۱۹۹۳) روش جدیدی به نام اسکار که براساس توالی سنجی قطعات بدست آمده از RAPD می باشد را پیشنهاد نمودند در این روش قطعات به دست آمده از روش RAPD مثل ژن مقاومت به بیماری در آفتابگردان که به وسیله نشانگر ریپید نشانمند شده را ابتدا کلون کرده و سپس تعیین توالی میکنند. از اطلاعات حاصل از باند ریپید (انتهای نشانگر ریپیدلینک با صفات یا ژن مورد نظر) برای طراحی آغازگرها با طول زیاد که معمولا اختصاصی بودن واکنش را به همراه خواهد داشت استفاده می کنند و به این ترتیب، تکرار پذیری این نشانگرها در مقایسه با RAPD خیلی بالا خواهد بود.

۳) Restriction Landmark Genomic Scanning (RLGS)

Hatada و همکاران (۱۹۹۱) روشی را برای شناسائی و انگشت نگاری موجودات عالی ابداع کردند و آن را RLGS نامیدند. اساس این روش که بر مبنای جایگاه برش اختصاصی آنزیم های محدودگر است می تواند به عنوان تشابه و علامتی برای تشخیص و تمایز افراد به کار برده شود. در این روش، رشته های DNA توسط آنزیم هضم و محل های برش داده شده به طور مستقیم با فسفر رادیواکتیو نشاندار می شوند

و پس از الکتروفورز قطعات هضم شده DNA از هم جدا شده و بوسیله فلورسانس باندها قابل مشاهده می گردد. در این روش الگوهای متفاوت بدست آمده، می تواند به عنوان یک نشانگر مورد استفاده قرار گیرند. از معایب این روش می توان به :

۱. نیاز به DNA با کیفیت بالا

۲. دشواری در قرائت و تفسیر باندها

۳. تکرار پذیری پایین به دلیل هضم ناقص DNA توسط آنزیم های محدودگر

و از مزایای آن می توان به : استفاده شدن در طبقه بندی گیاهان و جانوران ، نیازمندی به تعداد کم ، تولید تعداد بی شماری نشانگر در هر آزمایش و ... اشاره نمود .

۴) DNA Amplification Fingerprinting (DAF)

Caetano-Anolles و همکاران در سال ۱۹۹۱ تکنیک جدیدی را پیشنهاد نمودند که از نظر اصول مشابه با روش RAPD می باشد با این تفاوت که پرایمر آن بسیار کوچک حدود ۸-۵ نوکلئوتید می باشد و به جای سه مرحله ، دو مرحله دارد . محصول PCR توسط ژل پلی اکریل امید جدا گردیده و با رنگ آمیزی نقره قابل رویت می گردند . این نشانگرها برای تعیین خصوصیات لاین های تقریباً ایزوژن ، تجزیه و تحلیل های جمعیتی و نیز تعیین شجره افراد مورد استفاده قرار می گیرند .

۵) Amplified Length Polymorphism : ALP

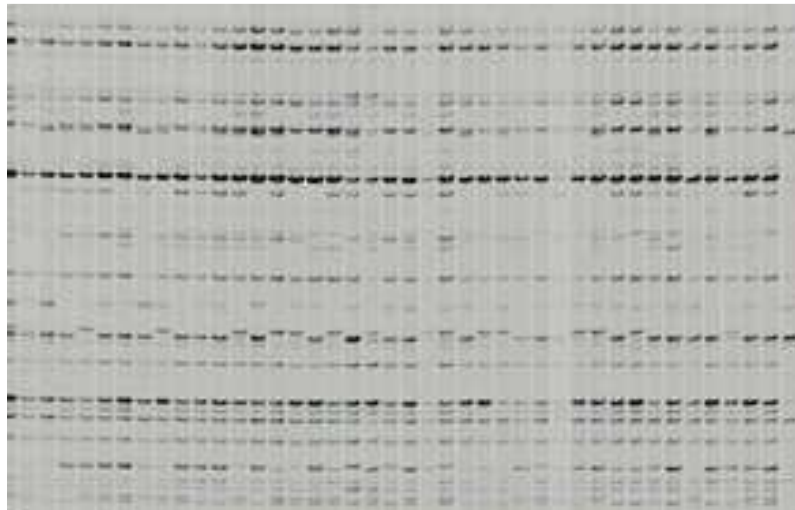
وجود اختلاف در اندازه قطعات حاصل از PCR که در آن پرایمر اختصاصی از توالی ژنوم به کار رفته است را ALP می گویند . این اختلاف بیانگر وقوع پدیده حذف و اضافه شدن این نشانگر است عمل اختصاصی این نشانگر، تکرار پذیری بالا از مزایای این نشانگر می باشد و از معایب این نشانگر می توان به مواردی چون نیاز به توالی سنجی DNA در طراحی و ساخت آغازگر اختصاصی اشاره کرد .

۶) SSCP (Single Strand Conformation Polymorphism)

گاهی تفاوتها آنقدر کوچک هستند (یک یا چند نوکلئوتید) که از طریق نشانگرها ALP قابلیت رویت در روی ژل های معمولی نیست . بنابراین این قبیل تفاوتها ممکن است از طریق تک رشته سازی قطعات تکثیر شده و حفظ ساختمان ثانویه و فرم و فضای آن در حین الکتروفورز صورت دیگر که SSCP نامیده میشود و میتوان از طریق فسفرادیواکتیو خودپرتونگاری نموده و یا اینکه از طریق رنگ آمیزی با نیترات نقره به مطالعه و بررسی آن پرداخت.

(Amplified Fragment length Polymorphism) : AFLP(۷)

Zabeau و همکاران (۱۹۹۳) روش جدیدی را تحت عنوان قطعات برش یافته انتخابی ابداع نمودند که حاصل آن نشانگر AFLP است. این مارکر ژنتیکی بر اساس آنالیز قطعات برش یافته DNA بنیان نهاده شده است که در آن از تکنیک DNA برای تکثیر قطعات مورد نظر و شناسائی آن استفاده می شود به علت استفاده از واکنش PCR، این تکنیک متفاوت از روش RFLP می باشد، در حقیقت این روش ترکیبی از AFLP و واکنش زنجیره ای پلیمرز است در مرحله اول DNA مورد نظر توسط دو آنزیم برش دهنده هضم می شود به طوری که دو انتهای برش یافته دارای فرم برشی متفاوت می باشند. سپس دو آداپتور (DNA) دو رشته ای به طول حدود ۱۸ جفت باز که یکی از آنها از انتهای آن مکمل دو انتهای برش یافته باشد. به دو انتهای برش یافته اتصال می یابد. دو مرحله بعد با استفاده از روش PCR و به کمک پرایمر های طراحی شده بر اساس توالی آداپتورها (حدود ۲۰ جفت باز) قطعات مورد نظر تکثیر می شوند. دارای تکرار پذیری بالای هستند و در یک واکنش مناسب بین ۵۰ تا ۱۰۰ باز قابل تشخیص است. بر این اساس مقدار زیادی باند پلی مورفیک جهت بررسی تنوع ژنتیکی یا تهیه نقشه ژنتیکی امکان پذیر است. مارکر AFLP غالب است و شناسائی وضعیت هتروزیگوتی از هموزیگوتی مسیر نیست.



محصول PCR نشانگر AFLP بر روی ژل پلی آکریل آمید دناتوره

Denaturing Gradient Gel Electrophoresis: DGGE(۸)

Mayers و همکاران (۱۹۸۷) روشی را ابداع نمودند که یکی از روشهای مناسب برای آشکارسازی جهش ها می باشد. این روش بر روی فراورده های زنجیره ای پلیمر از صورت می گیرد. در صورتیکه قطعات رشته ای DNA در یک نوکلئوتید با هم متفاوت می باشند الگوی واسرشت شده متفاوتی را نشان میدهند. در این روش دو نمونه DNA در دو ستون جداگانه از یک ژل پلی اکریل آمده که دارای نسبتی از غلظت ماده واسرشت کننده (فرمالید) هستند، گرادسانی از افزایش مواد دناتوره کننده، مورد الکترو فورز قرار می گیرد. وقتی مولکولها به سطح بحرانی دناتوره می رسند دو رشته شروع به جدا شدن می کنند. در این حالت کاهش معنی داری در حرکت قطعات ایجاد می شود. این نقطه به عنوان نقطه ذوب عمل می کند و باعث تأخیر در حرکت مولکول DNA جهش یافته نسبت به فرم وحشی می شود (مردانی، ۱۳۸۲). در روش DGGE به مواد رادیو اکتیو و مواد شیمیایی نیازی نیست. ولی ابزار پیشرفته ای می خواهد درصد تعیین موتاسیون در این روش خیلی نزدیک به ۱۰۰٪ است. نوع مشابهی از این روش TGGE میباشد که در آن از حرارت به جای غلظت مواد شیمیایی در ژل استفاده می شود. (Etscheid, 1998) بهترین طول قطعات برای DGGE بین ۵۰۰-۱۵۰ باز می باشد و برای واسرشت کامل قطعات حاصل از زنجیره پلیمر از یک ناحیه حاوی بالاترین دمای ذوب مصنوعی به نام GG-Clamp استفاده می شود.

۹) ماهواره ها یا Satellites:

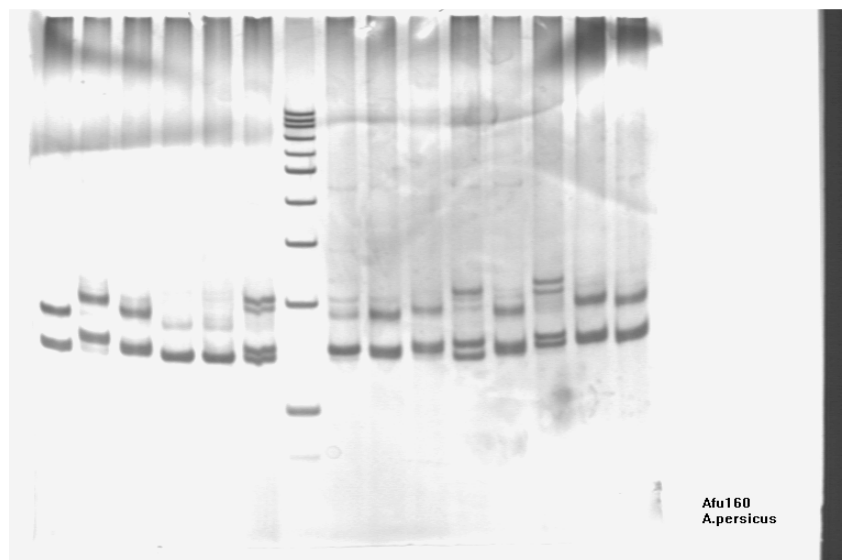
DNA ماهواره ای زمانی مطرح گردید که معلوم شد در سانتریفیوژ کلرید سدیم، بخش کوچکی از DNA کل باند ماهواره ای تشکیل می دهد که از باند ژنومی اصلی جدا قرار می گیرد که این بخش کوچک دارای توالیهای ساده ای هستند که کمتر از ۵۰۰ جفت باز دارند که هزاران یا میلیونها بار تکرار می شوند بعدها انواع دیگری از DNA ماهواره ای با واحدهای تکراری بسیار کوتاهتر در طول توالی یا بی ژن انسولین انسانی کشف گردید که تحت عنوان minisatellite ها شناخته می شوند و شامل واحدهای تکراری ۶-۱۵ جفت باز می باشند. سومین گروه ریز ماهواره یا میکروساتلایتها میباشد که تحت عنوان Simple Tandem Repeat (STR) یا (Simple Sequence Repeat) (SSR) شناخته می شوند توالیهای تکراری DNA هستند که دارای نگاره مرکزی یا موتیف تکرار شونده ای به طول یک تا شش جفت باز می باشند دو گروه اخیر بنام VNTR (Variable Number Tandem Repeat) نیز شناخته می شوند.

نشانه های ریز ماهواره (Microsatellite):

واژه ریز ماهواره در سال ۱۹۸۵ توسط Jeffery مطرح گردید و مفهوم آن توالیهای کوتاه تکرار شونده در ژنوم موجودات می باشد. در دهه گذشته نشانه های ریز ماهواره بسیار مورد توجه قرار گرفته اند. علت اصلی کاربرد این نشانه گر، قدرت آن در حل مشکلات بیولوژیکی و تجزیه و تحلیل های جمعیتی و همچنین

مطالعات اکولوژیکی می باشد. تنوع زیاد، قابلیت رتبه‌دهی آسان، همباز بودن و پراکندگی یکنواخت در سراسر ژنوم از دلایل عمده کاربرد وسیع این نشانگر محسوب می شود.

فراوانی ریزماهورها متفاوت و بستگی به اندازه ژنوم دارد. برای مثال برآورد شده که فراوانی ریزماهور در ژنوم انسان به طور متوسط ۱۰ برابر ژنوم گیاهان است و توزیع ریزماهورها نه تنها در گونه های مختلف متفاوت است. بلکه در درون یک ژنوم و در بین کروموزومهای مختلف نیز متفاوت است از لحاظ توزیع و سازماندهی ریزماهورها در ژنومها با نقشه های ژنتیکی و فیزیکی مشخص شد که ریزماهورها در یک ناحیه جمع نشده و به طور یکنواخت در نواحی مختلف کروموزوم توزیع شده‌اند. اما با روش هیبریداسیون فلورسنت و هیبریداسیون در ژل، مشخص شد که این توالی‌ها در برخی از قسمت‌های کروموزوم تجمع دارند به طور کلی توالیهای مونو نوکلئوتیدی (poly A/T) فراوانی بیشتری نسبت به (poly C/G) دارند. آنها در نواحی اینترون و درون ژنی فراوانی بیشتری دارند. در ژنوم انسان نیز poly A /poly T بیشتری وجود دارد، اما این نوع ریزماهورها به دلیل بی ثباتی در واکنش PCR نشانگر مناسبی نیست، Weber, Beckman اعلام کردند که بالاترین نوع تکرار در دی نوکلئوتیدی به صورت CA/CT در ژنوم انسان و پستانداران می باشد اما در ژنوم گیاهان تکرارهای AT, GA, بیشتر از تکرارهای CA می باشد. تکرارهای تری نوکلئوتیدی در همه نواحی ژنوم با فراوانی قابل توجهی مشخص شده‌اند و معمولیترین آنها تکرارهای ATT, CAG می باشند این توالیها بیشتر در آگزون حضور دارند و نواحی دیگر کمتر دیده می شوند و تکرارهای تترا نوکلئوتیدی در آگزونها وجود ندارند و تکرارهای پنتا نوکلئوتیدی در همه پستانداران به اندازه فراوانی تکراری تری نوکلئوتید در اینترونها و نواحی درون ژنی دارند و این توالی تکراری در اکسونها تنوع وسیعی را نشان می دهد مایکروساتلایتها در ژنوم انسان هر ۳۰ کیلو باز ژنوم سالمون هر ۱۲ کیلو باز ژنوم کاد هر ۷ کیلو باز ژنوم قزل‌الای قهوه ای هر ۲۳ کیلو باز ژنوم زنبور هر ۴۷ کیلو باز وجود دارند. و طول توالی مایکروساتلایتها در ژنوم موجودات خونسرد بیشتر از ژنوم سایر موجودات است.



جایگاه ژنی پرایمر Afu160 میکروستلاپیت در تاسماهی ایرانی (ژل پلی آکریل آید ۰.۶٪)

۱-۲-۸-۱ اشکال مختلف ریزماهوره‌ها :

ریزماهوره‌ها بر اساس ترتیب توالی و شکل و ساختارشان به چهارگروه تقسیم بندی می شوند :

۱- ریزماهوره‌های کامل: در این گروه یک واحد کامل ریز ماهوره پشت سر هم و بدون هیچ تداخلی دیده می شود (مانند GTGTGTGTGTGTGT).

۲- ریز ماهوره‌های ناقص: در این گروه در درون واحدهای ریز ماهوره ای یک یا دو نوکلئوتید غیر ریز ماهوره‌ای مشاهده می شود که در ساختمان آن ایجاد تداخل می کند (مانند GTGTGTCGTGTGT).

۳- ریز ماهوره‌های گسیخته: در این گروه تعداد کمی جفت باز که بیش از دو نوکلئوتید هستند و با ساختمان تکراری توالی جور نیستند باعث گسیختگی ریزماهوره‌ای می شوند (مانند GTGTGTCCCCGTGTGT).

۴- ریز ماهوره‌های مرکب یا ترکیبی: در این گروه نیز دو ساختار یا بیش از آن پشت سر هم و یا یکی در درون دیگری قرار گرفته است (مانند GTGTGT GCGCGCGC).

۱-۲-۸-۲ چندشکلی در ریز ماهوره‌ها:

تنوع تعداد واحدهای تکرار شونده در ریز ماهوره، چند شکلی بسیار بالای آنها را سبب می گردد. که این تنوع خود ناشی از نرخ بالای جهش در این نشانگرهاست که یکی از خصوصیات مهم ریز ماهوره‌ها می باشد میزان جهش در این جایگاهها 10^{-9} تا 10^{-10} جهش در هر نسل است و با بلند شدن رشته ریز ماهوره ای میزان جهش به مراتب افزایش می یابد. وجود چنین ناپایداریهای قابل توارث در جایگاههای ریزماهوره آنها را تبدیل به ابزاری سودمند برای مطالعه‌های ژنتیکی و تکاملی کرده است بررسی‌های شجره‌ای در انسان نرخ حدود 10^{-3} جهش در هر جایگاه در هر نسل را نشان داده است ولی این نرخ در مگس سرکه نسبتاً پایین و حدود 10^{-6} $\times 6$ می باشد. عواملی همچون تعداد و نوع تکرار ردیف کناری و نو ترکیبی بر میزان جهش ریز ماهوره‌ای مؤثر می باشد با توجه به میزان جهش بالا دو نوع مکانیسم برای این جهش‌ها پیشنهاد شده است :

الف- لغزش رشته مکمل در طی فرآیند تکثیر:

بر اساس این نظریه در خلال نسخه برداری نسخه جدید DNA سنتز شده میتواند به شکل غیرعادی قرار گیرد ولی به دلیل ساختار تکرار شده DNA مایکروساتلائیتهای اکثر بازهای دو رشته ای جدید هنوز به صورت جفت شده باقی میمانند و تنها یک ساختار حلقه ای کوچک به صورت جفت نشده میماند در صورتی که سنتز DNA ادامه پیدا کند، تعداد تکرارها در رشته جدید تغییر خواهد کرد و از اینرو لغزش نسخه برداری منجر به ایجاد یک سری از الیها با اندازه متفاوت (تعداد تکرارهای متفاوت) در افراد جمعیت میشود.

ب- کراسینگ اور نابرابر :

کراسینگ اور بین کروموزومهای همولوگ در مرحله میوز انجام می شود که به طور ناقص با هم جفت می شوند ، کراسینگ اور نامتعادل موجب حذف شدگی در یک مولکول و اضافه شدن در مولکولی دیگر و متعاقب آن باعث انبساط و انقباض آرایه ها می گردد .

۱-۲-۸-۳ عوامل مؤثر بر میزان جهش :

افزایش تعداد واحدهای ریز ماهواره ، کاهش طول تکرار (دی نوکلئوتیدی نسبت به تترا نوکلئوتیدی) و کاهش تعداد CG نواحی مجاور واحدها ، باعث افزایش میزان جهش می گردند. همچنین بررسیها نشان داده میزان جهش در نرها نسبت به ماده ها بیشتر است.

۱-۲-۸-۴ تکامل ریز ماهواره ها :

به منظور برآورد میزان تنوع در جمعیت و فاصله ژنتیکی از داده های ریزماهواره و همچنین برای توصیف تنوع ژنتیکی در جایگاههای ریزماهواره ای دو مدل اساسی جهش آلی نامحدود (IAM)¹ و جهش مرحله ای (SMM)² استفاده می شود. Kimura در اوایل سال ۱۹۶۰ و Crow در سال ۱۹۶۴ جهت درک تحقیقات در سطح مولکولی جمعیتها مدل IAM را پیشنهاد می کنند که پیش بینی می کنند که جهش تنها به حالت آلی جدید می انجامد و همیشه آلهایی در جمعیت به وجود می آید که قبلا وجود نداشته و این حالات می توانند هر تعداد واحد تکرار شوند (مانند GT) رخ می دهد برعکس در مدل SMM که توسط Kimura و Utta در سال ۱۹۷۳ به عنوان یک تئوری در مبحث ژنتیک جمعیت معرفی گردید، پیش بینی می کند که جهش به صورت اضافه شدن یا حذف یک واحد تکرار شونده (مانند GT) رخ می دهد.

1) Infinite Allele Model (IAM)

2) Step Mutation Model (SMM)

این بدان معنی است برخی از جهش‌ها آلهایی را تولید خواهند کرد که از قبل وجود داشته‌اند. اهمیت استفاده از مدلی که بهتر با داده‌های ریز ماهواره‌ای هم خوانی داشته باشد در این است که این کار موجب خواهد شد که برآوردهای دقیق‌تری از اندازه جمعیت و وقایع ساختاری آن به دست آوریم. البته مدل‌های دیگری مانند مدل دو مرحله‌ای و مدل K آلی نیز وجود دارد و هرآل یک احتمال ثابت تغییرپذیری به طرف هریک $K-1$ حالت آلی دیگر است.

مطالعات اولیه بر روی مدل‌های جهش‌حاکمی از آن است که SMM میزان تنوع مشاهده شده در جایگاه‌های ریز ماهواره‌ای را دقیقتر پیش‌بینی می‌نماید بررسی انواع ترتیب‌های ریز ماهواره‌ای نشان می‌دهد که تغییرپذیری جایگاه‌های سه یا چهار نوکلئوتیدی در مقایسه با جایگاه‌های دونوکلئوتیدی و ماهواره‌ها شباهت بیشتری با SMM دارند (Hansen, 2004).

۱-۲-۸-۵ جداسازی ریز ماهواره‌ها:

برای کاربرد ریز ماهواره‌ها و استفاده از آنها نیازمند استخراج و جداسازی و تعیین توالی ناحیه مجاور آن می‌باشد. برای این منظور روش‌های مختلفی ابداع شده که شامل روش سنتی، مبتنی بر $RAPD$ ، بسط آغازگر، دورگه‌گیری انتخابی و مبتنی بر $AFLP$ می‌باشد که در ذیل به شرح دو روش بسط آغازگر که بر خلاف دیگر روش‌ها از تکنیک PCR استفاده نمی‌شود پرداخته می‌شود.

روش بسط آغازگر:

در این روش ابتدا برای ساخت کتابخانه ژنومی DNA را هضم نموده و برای تعیین آنها قطعات حاصل از هضم را بر روی ژل آگارز کرده و پس از انتخاب و جداسازی قطعات مناسب ۶۰۰-۳۰۰ جفت باز قطعه مورد نظر را وارد یک حامل فازی کرده تا تک رشته تشکیل شود. سپس این ناقل به میکروارگانیزمها انتقال یافته و یک کتابخانه ژنومی نسبی تشکیل داده و این کتابخانه ژنومی نسبی با استفاده از کاوشگری که واحد تکرار شونده $(CCT)n$ یا $(CA)n$ را دارد غربال می‌گردد و ردیف‌یابی که با کاوشگر مذکور جفت شوند صورت گرفته و در آخر طراحی آغازگرهایی متناظر با ردیف‌های منحصر به فرد واقع در هر دو طرف آنها انجام می‌گیرد.

مزایای ریز ماهواره‌ها:

این نشانگرها دارای مزایای متعددی بشرح ذیل می‌باشد:

۱- دارای توارث همباز می‌باشند و از توارث ساده مندلی تبعیت می‌کنند. یعنی می‌توان افراد هتروزیگوت را از هموزیگوت به راحتی تفکیک نمود.

۲- در ژنوم موجودات به فراوانی یافت می شوند و به پراکندگی آنها نیز در سطح ژنوم موجودات عالی یکنواخت می باشد.

۳- چند شکل بالائی دارند، علاوه بر این توانائی آنها در تشخیص میان افراد، در صورت استفاده از ترکیبی از جایگاهها، این تکنیک را در مطالعه جریان ژنی و تعیین هویت بسیار توانمند ساخته است.

۴- مقدار بسیار کمی DNA نیاز دارند و به وسیله PCR قابل تکثیر هستند.

۵- امتیاز دهی آنها آسان و دقیق است.

۶- قابلیت استفاده نشانگرهای یک گونه در گونه‌های بسیار نزدیک دیگر وجود دارد.

معایب و مشکلات ریزماهوره ها:

از محدودیتها و مشکلات کار با ریزماهوره ها می توان به موارد زیر اشاره کرد :

الف) تعیین توالی: یکی از مشکلات ریز ماهوره ها که در واقع مشکل عملی و ابتدائی آنهاست. تعیین توالی برای ساخت و طراحی نشانگر مورد نیاز است و در ابتدا باید این عمل انجام شود که انجام آن مستلزم صرف وقت و هزینه زیادی است.

ب) اشتباهات آلل خوانی: این اشتباهات در اثر لغزش DNA پلیمراز رخ می دهد، که منجر به تولید باندهای پهن و متعددی می گردد که همچون سایه در اطراف باند اصلی قرار گرفته و این باندها را باندهای نارسا می نامند و گفته می شود که در اثر حوادث Slipage در طول PCR بوجود میاید. این باندها معمولاً وضوح کمتر از باندهای اصلی دارند و می توان از آنها صرف نظر کرد اما اگر با فرآورده‌های مربوط به یک فرد هتروزیگوت هم پوشانی داشته باشد. آنگاه تشخیص این دو باند مشکل می شود می توان چند روش را برای رفع این مشکل به کار برد، برای مثال انتخاب جایگاههایی با واحدهای تکرار چهار نوکلئیدی مناسب است زیرا با توجه به فاصله بیشتر بین آلله‌ها در این جایگاهها تعیین آلل ساده‌تر و نارسائی کمتر است، یا می توان از جایگاههای دو نوکلئوتیدی به همراه کاهش اندازه فرآورده‌ها حدود ۱۲۰ جفت باز استفاده کرد، زیرا اندازه کوچک آلله‌ها به لحاظ فیزیکی سبب می‌گردد تا صحت تعیین آلله‌ها افزایش یافته و نارسایی کمتر شود، هر چند که میزان تغییر پذیری قابل تشخیص نیز کاهش می یابد و در روش دیگر می توان برای افزایش دقت از چندین نشانگر اندازه برای ژلها استفاده کرد، ضمناً می توان از برنامه هایی مانند ژنوتایپر که جهت تشخیص باندهای نارسا طراحی شده‌اند استفاده کرد.

ج) ایجاد اللهای صفر: اللهای صفر اللهایی هستند که ضعیف تکثیر شوند و یا پس از تکثیر و تفکیک قابل رویت نباشند. وجود جهش در توالیهای مجاور ریز ماهوره ها (Flanking) از اتصال آغازگر جلوگیری کرده و در نتیجه هیچ فرآورده ای در PCR تولید نمیشود. البته کیفیت پایین DNA استخراجی و جهش در درون ترتیب مورد تکثیر نیز میتوانند باعث ایجاد اللهای صفر شوند وجود اللهای خنثی موجب برآورد نادرست هتروزیگوسیتی در داخل یک جمعیت می‌گردد.

د) هموپلاسی اندازه: چند شکلی و تغییرات مشاهده شده در ریزماهوره‌ها، ناشی از تغییرات طول قطعات تکثیر شده است. دو آلل در صورتی از همه لحاظ یکسان هستند که بدون جهش از آلل اجدادی یکسان ایجاد شده باشند. دو آلل ممکن است اندازه یکسان و یا حتی توالی یکسان داشته ولی از یک جد مشترک نباشند که هموپلاسی اندازه نامیده می شوند. آنها ممکن است از یک آلل ولی با یک تاریخ متفاوت ایجاد شده باشند. بی توجهی به هموپلاسی اندازه منجر به برآورد رو به پایین زمان انشعاب واقعی بین جمعیتها خواهد شد. این پدیده ممکن است از طریق مقایسه توالی دو آلل هم اندازه مشخص می شود.

۱-۲-۸-۸-۸ حفاظت شدگی میکروستلایتها

تولد و مرگ میکرو ستلایتها

در اولین مطالعات توسط (Mesier et al., 1996) حفاظت شدگی یک لوکوس میکروستلایتی تترانوکلوئیدی درون یک ژن بین همه انواع گونه های میمون و گونه انسان نشان داده شده و از روی تغییرات توالیهای ماهیان آنها (در اثر جهش) مدلی برای پیدایش یا تولد و تکامل میکروستلایتها ارائه گردید. در همین راستا (Taylor et al., 1999) از بررسی توالیها لوکوس میکروستلایت در گونه های مختلف نتیجه گرفتند که در مرحله ای خاص از انتهای چرخه تکاملی میکرو ساتلایتها، انقطاع در توالیهای تکرار در یک مرحله و حذف شدن بخشهای بزرگتر تکراری در مرحله بعد اتفاق می افتد و ایشان این مرحله را مرگ میکروستلایتها نام نهادند.

میکرو ستلایتهای بسیار حفاظت شده:

Rico و همکاران (۱۹۹۶) حفاظت شدگی لوکوسهای میکرو ساتلایتی را به مدت ۴۷۰ میلیون سال میان گونه های ماهی نشان داده اند. مشابه آن (Fitzsimmons et al., 1995) چنین حالت پایدار رابه مدت ۳۰ میلیون سال پیش میان گونه های لاک پشت دریایی ثابت کردند. (Ezenwa et al., 1995) حفاظت شدگی ۲۷ لوکوس تری نوکلوتیدی از هرگونه زنبور میان ۲۷ گونه دیگر از خانواده زنبورها که حداکثر ۱۴۴ میلیون سال پیش از آنها اتشقاق یافته را بررسی کردند و ثابت نمودند که میان فاصله سیستماتیک و دو فاکتور حفاظت شدگی (محل پرایمرها و هتروزیگوسیتی و پلی مورفیسم) ایجاد شده و نسبت آشکاری وجود دارد. حفاظت شدگی یک لوکوس میکروساتلایتی را در کوسه هائی که تخمین زده میشد یک میلیارد سال قبل انشقاق یافته باشند توسط (Martin et al., 2002) بررسی و عمری معادل ۲۵۰ میلیون سال برای آنها پیشنهاد کردند. در میان پستانداران دیگر نیز تحقیقاتی انجام شده است به طور مثال آشکار شده است که ۴۳ لوکوس میکروساتلایتی از میان ۷۰ لوکوس جدا نشده از گاو در بز حفاظت شده اند و می توانند تکثیر یابند.

کاربرد ریز ماهواره ها

هم اکنون در انسان هزاران نشانگر ریز ماهواره وجود دارد که توزیع متراکمی در هر بخش از کروموزم دارند و هر روز بر تعداد این نشانگرها افزوده می شود و به کمک آنها نقشه های مربوط به تک تک ژنها به سرعت مکان یابی می شود. این نشانگرها برای تعیین و حل بسیاری از ناهنجاریهای ژنتیکی در انسان با ارزش بوده و شناسایی بسیاری از بیماریهای زاینبار را در انسان تسریع می کند. برای مثال در سرطانها در برخی از آنها افزایش یا کاهش طول ریزماهواره ها سلول به میزان زیادی اتفاق می افتد که این تغییرات به راحتی قابل تشخیص است. چنین نقشه هایی در سایر موجودات نیز در حال تهیه هستند و اساس نقشه های جایگاههای کنترل کننده صفات کمی را تشکیل می دهند. از موارد دیگر کاربرد ریز ماهواره ها، استفاده در انگشت نگاری DNA و در مطالعات مربوط به تعیین هویت، مسائل حقوقی، قضایی، جنایی و دیرین شناسی و همچنین کاربرد آنها در تشخیص ژنوتیپها و تمایز بین افراد می باشد. مطالعات مربوط به بررسی روابط خویشاوندی، آزمون انساب و تعیین اصالت در انسان و حیواناتی مثل اسب که اصیل بودنشان و از اهمیت زیادی برخوردار است، بسیار مورد توجه می باشد. چنین مطالعاتی برای مدیریت جمعیتهای اهلی و درک الگوهای آمیزشی در حیات وحش مفید می باشد. به عنوان مثال در صنعت گاو گوشتی با افزایش نگرانی مصرف کنندگان از مصرف گوشتهای آلوده به جنون گاوی کارشناسان مایلند تا منشاء گوشتهای آلوده موجود در بازار را داشته و لکه مربوطه را شناسایی کنند تا دقیقاً نمونه گوشت مشکوک را به جمعیت خاصی منتسب نمایند. بررسی رفتارهای تولید مثلی، شناسایی ساختار جمعیت های گیاهی و جانوری از دیگر کاربردهای ریز ماهواره ها می باشد وراثت دو والدین و همبازی ریز ماهواره ها این نشانگر هارا برای بررسی روابط بین افراد و تجزیه و تحلیل شجره و شناسایی والدین مناسب کرده است خصوصیات میکروستلایتها همچنین باعث استفاده از این نشانگرها در آبی پرووری و مدیریت شیلاتی، در مطالعات ساختار جمعیتی، تشخیص نژادهای پرورشی از طبیعی، ارزیابی رابطه ژنتیکی والدین با فرزندان، مدیریت والدین، تشخیص ژینوژنر، پلی پلوئیدی، تشخیص دورگه ها، ارزیابی تکاملی گردیده است.

جدول ۱-۲ مقایسه خصوصیات چند نشانگر DNA

Microsatellite	AFLP	RAPD	RFLP	PBR	ALP	مبنای مقایسه
خیلی سریع	آهسته	خیلی سریع	کند	سریع	خیلی سریع	چگونگی کاربرد
ژل پلی اکریلامید	ژل پلی اکریلامید	مطمئن	مواد رادیو اکتیو	مطمئن	مطمئن	سلامتی
تقریباً صددر صد	بالا	متوسط	تقریباً ۹۵٪	تقریباً صد در صد	تقریباً صد در صد	تکرار پذیری
پایین	بالا	بالا	بالا	پایین	پایین	کیفیت DNA
پایین	پایین	پایین	بالا	پایین	پایین	کمیت DNA

نیاز به دانستن توالی	بله	بله	خیر	خیر	خیر	بله
تشخیص جهش نقطه‌ای	خیر	بله	مشکل	خیر	خیر	خیر
میزان چند شکلی	پایین	بالا	بالا	بالا	پایین	بالا
فنوتب مولکولی	همباز	همباز	غالب	همباز	همباز	همباز
نیاز به موجود زنده	خیر	خیر	بله	خیر	خیر	خیر

مدل هاردی واینبرگ:

فرآیند بررسی تغییرات ژنتیکی شامل امتیازدهی به یک یا تعداد بیشتری از انواع نشانگرهای ژنتیکی، کمی نمودن فراوانی فنوتیپ‌ها، و سپس نشان دادن فراوانی ژنوتیپ‌های مربوطه می‌باشد. از این رو، برای بیان رابطه‌ای بین فراوانی ژنوتیپ و فراوانی آلل‌ها و دستیابی به نتیجه‌ای معقول در رابطه با فرآیندهای مؤثر بر جوامع طبیعی، وجود مدل ضروری است. مطلوبیت و کاربرد چنین مدلی در توانایی آن برای شناسایی تغییرات مهم، که باید آنها را یافت و یا در توانایی آنها برای نشان دادن آزمایش‌های مهمی که باید در دستیابی به دیدگاه‌های جدید انجام گیرد، نهفته است.

مدلی که در سال ۱۹۰۸ توسط G. H. Hardy و W. Weinberg به طور جداگانه مطرح گردید، مهمترین مدلی است که فراوانی آللی و ژنوتیپی را به هم ربط می‌دهد. مدل هاردی - واینبرگ دارای چند پیش فرض مهم به شرح زیر می‌باشد:

- طی نسل‌های مختلف، اندازه جمعیت بزرگ و ثابت باقی می‌ماند
- آمیزش‌ها به صورت تصادفی است، به این مفهوم که جامعه مورد مطالعه، جمعیتی پانمیکتیک (Panmictic) یا دارای اختلاط خوب می‌باشد
- اعضای جامعه دیپلوئیدند
- نسل‌ها با هم همپوشانی ندارند
- تولید مثل جنسی است
- جهش، مهاجرت، یا انتخاب تأثیرات ناچیزی بر جامعه دارد

در مورد جایگاه‌های ژنی غیر جنسی (ژن‌هایی که بر روی کروموزوم‌های غیر جنسی واقع‌اند) که دارای دو آلل باشند، مدل هاردی - واینبرگ به صورت زیر بیان می‌شود:

$$(p+q)^2 = p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

در این رابطه P نشان دهنده فراوانی آلل غالب (معمول‌تر) A، و q نشان دهنده فراوانی آلل مغلوب (غیرمعمول‌تر)، a، بوده و مجموع فراوانی آنها برابر یک می‌باشد ($p+q=1$). در صورتی که آلل‌های A و a در رابطه با صفتی خاص، آلل‌های هم غلبه (alleles codominant) باشند، می‌توان از روی فنوتیپ‌های مربوط به آنها، افراد دارای ژنوتیپ‌های AA، Aa و aa را از هم تشخیص داد. فراوانی افراد خالص غالب و

شایع‌تر، AA برابر P^2 ؛ فراوانی افراد ناخالص Aa برابر $2pq$ و فراوانی افراد خالص مغلوب و کمیاب‌تر aa برابر با q^2 می‌باشد. مدل هاردی واینبرگ را می‌توان به آل‌های چندگانه (Multiple alleles)، ژن‌هایی که بر روی کروموزوم X واقعند (Hartl 1988 Falconer 1989) و به جفت ژن‌های واقع بر روی یک کروموزوم نیز تعمیم داد.

مدل هاردی - واینبرگ ثبات فراوانی آل‌ها را در بین نسل‌های مختلف پیش‌بینی می‌کند. می‌توان از مدل مذکور برای پیش‌بینی فراوانی ژنوتیپی که منجر به فراوانی آلی کنونی شده است استفاده نمود، که این امر با فرضیات مندل مطابقت دارد. کاربرد مدل هاردی - واینبرگ امکان ارزیابی و برآورد نیروهای تکاملی را فراهم آورده و سیستم ژنوتیپ‌های یک جامعه را آشکار می‌کند. در صورتی که نتایج مشاهده شده در عمل با نتایج مدل هاردی - واینبرگ همخوانی نداشته باشد، باید درصدد ارایه فرضیاتی برای توجیه عدم انطباق واقعیت مشاهده شده با مدل و متعاقباً انجام مشاهدات و آزمایش‌های دیگری برآمد.

مشکل موجود در رابطه با این مدل در آن است که به علت برقرار نبودن یک یا تعداد بیشتری از فرضیات مربوطه، مدل کفایت لازم را ندارد. ممکن است، عدم برقراری فرضیات مدل هاردی - واینبرگ ناشی از مکانیزم‌های بوم‌شناختی مختلف باشد.

در مدل هاردی - واینبرگ فرض بر این است که آمیزش‌ها تصادفی‌اند، اما این فرض به کرات، بواسطه رفتارهای جفت‌گیری خاص نقض می‌شود. جفت‌گیری انتخابی (Assortative mating)، انتخاب جفت بر اساس فنوتیپ است. جفت‌گیری انتخابی مثبت (Positive assortative mating) هنگامی اتفاق می‌افتد که افراد شبیه به هم بیشتر از آنچه که بتوان آن را تصادف یا شانس نامید، با هم جفت‌گیری کنند. درون‌آمیزی (Inbreeding) به جفت‌گیری یا آمیزش افراد خویشاوند، با هم اطلاق می‌شود که نوع خاصی از جفت‌گیری انتخابی مثبت می‌باشد. جفت‌گیری انتخابی منفی هنگامی روی می‌دهد که افراد ناهمسان بیشتر از آنچه که بتوان آن را تصادف یا شانس نامید، با هم جفت‌گیری کنند، از این موارد می‌توان به مگس سرکه اشاره نمود. ساختار ذخایر ژنتیکی نیز ناشی از نوعی جفت‌گیری انتخابی می‌باشند که در آن ذخایر ژنی یک گونه شامل گروهی از زیر جمعیت‌ها، یا ذخایر ژنی بوده و افراد آن دارای آمیزش‌های تصادفی می‌باشند.

در موارد خاص، تأثیرات انتخاب طبیعی بر فراوانی ژنوتیپ‌ها چندان ناچیز هم نیست. برای مثال نمونه معروفی در این زمینه، مزیت انتخابی مربوط به افراد ناخالص، در جایگاه ژن هموگلوبین - B انسان می‌باشد. در این مورد ژنوتیپ +S (مقاوم در برابر مالاریا و کم‌خونی) بسیار سازگارتر از ژنوتیپ‌های ++ (مستعد نسبت به بیماری مالاریا) و SS (کم‌خونی داسی شکل) می‌باشد.

عدم صدق فرضیات مربوط به مدل هاردی - واینبرگ ممکن است ناشی از سایر مکانیزم‌های بوم‌شناختی باشد. در واقع مدل هاردی - واینبرگ در ازای بروز انحرافات جزئی در فرضیات آن، تأثیرات نسبتاً اندکی

می‌پذیرد (Hartl 1988: 28) که این خاصیت کاربرد آن را بهبود می‌بخشد. به هر حال، باید معلوم شود که آیا فراوانی ژنوتیپ‌های مشاهده شده با انتظارات مدل هاردی - واینبرگ مطابقت دارد یا نه، این امر ضرورتاً به مفهوم آن می‌باشد که تمام فرضیات باید تأمین و برقرار شوند.

کاربرد مدل هاردی - واینبرگ در بررسی صید ذخایر ترکیبی:

مدل هاردی - واینبرگ (H-W) کاربرد وسیعی در علوم شیلاتی دارد. یکی از مهمترین کاربردهای این مدل در امور مربوط به شناسایی ذخایر ترکیبی و برآورد ترکیب آنها با استناد به خواص ملکولی-هسته‌ای می‌باشد. در صورتی که نمونه‌ای از موجودات صید شده در فعالیت صیادی با نتایج و انتظارات مدل H-W مطابقت نکند، احتمال آن وجود خواهد داشت که چند زیر مجموعه تمایز یافته با هم ترکیب شده باشند. در سال ۱۹۸۹ فالکنر به مطالعه موردی ماهی روغن اقیانوس اطلس، *Gadus morhua* اشاره نمود که اولین بار توسط مولر در سال ۱۹۶۸ گزارش شده بود. فراوانی ژنوتیپ‌ها در جایگاه هموگلوبین مجموعه‌ای از روغن ماهیان صید شده توسط ناوگان صیادی نروژ تعیین شد. از ۲۵۹۱ قطعه ماهی روغن موجود در نمونه، تعداد ۱۳۰ قطعه دارای ژنوتیپ AA، ۷۶۳ قطعه دارای ژنوتیپ Aa و ۱۶۹۸ قطعه نیز دارای ژنوتیپ aa بودند. انجام این مطالعات تا حدی، بدلیل عدم آگاهی از وجود یک یا تعداد بیشتری ذخایر ژنتیکی ماهی روغن در فعالیت‌های صیادی، بود. از این رو فرض صفر (H_0) که باید مورد آزمایش قرار می‌گرفت، تبعیت جامعه از مدل هاردی - واینبرگ و فرض آزمون (H_a) نیز عدم تبعیت جامعه از مدل هاردی - واینبرگ بود که در مقابل فرض صفر قرار داشت. بررسی‌ها به صورت زیر انجام شد:

مرحله یک: محاسبه فراوانی آلل‌ها:

$$\text{تعداد ماهی } ۱۳۰ + ۷۶۳ + ۱۶۹۸ = ۲۵۹۱$$

$$\text{تعداد آلل } ۵۱۸۲ = (۲ \text{ آلل در هر فرد}) \times ۲۵۹۱ (\text{ماهی})$$

برای محاسبه p یا فراوانی آلل A باید توجه شود که مجموعه نمونه حاضر حاوی ۱۳۰ قطعه ماهی خالص $۲ \times$ آلل در هر ماهی $+ ۷۶۳$ قطعه ماهی ناخالص $۱ \times$ آلل در هر ماهی $(۱۰۲۳ = ۱۳۰ \times ۲ + ۷۶۳)$ یعنی ۱۰۲۳ آلل A می‌باشد. با تقسیم عدد حاصل بر تعداد کل آلل‌ها، P به دست می‌آید:

$$p = ۱۰۲۳ \div ۵۱۸۲ = ۰/۱۹۷$$

جهت محاسبه q یعنی فراوانی آلل a ، مشابه با روش فوق عمل می‌شود:

$$\text{آلل } ۴۱۵۹ = ۷۶۳ + ۳۳۹۶ = ۷۶۳ \text{ ماهی ناخالص } ۱ \times \text{آلل در هر کدام} + ۱۶۹۸ \text{ ماهی خالص } ۲ \times \text{آلل در هر کدام}$$

$$q = ۴۱۵۹ \div ۵۱۸۲ = ۰/۸۰۳$$

مرحله دو: محاسبه فراوانی‌های مورد انتظار با استفاده از مدل هاردی - واینبرگ:

$$1 = p^2 + 2pq + q^2$$

$$= 0/197^2 + 2(0/197)(0/803) + 0/803^2$$

$$= 0/039 + 0/316 + 0/645$$

این ارقام بیانگر فراوانی ژنوتیپ‌های مختلف می‌باشند. فراوانی ژنوتیپ‌های AA, Aa و aa به ترتیب برابر با 0/039، 0/316 و 0/645 می‌باشد.

مرحله سه: محاسبه تعداد افراد دارای هر کدام از ژنوتیپ‌ها:

تعداد مورد نظر افرادی که دارای هر کدام از ژنوتیپ‌ها باشند بواسطه ضرب نمودن تعداد کل افراد موجود در نمونه مورد بررسی در فراوانی هر کدام از ژنوتیپ‌ها به دست آید.

$$\text{تعداد افراد دارای ژنوتیپ AA} = 101/05 = 0/039 \times 2591$$

$$\text{تعداد افراد دارای ژنوتیپ Aa} = 818/76 = 0/316 \times 2591$$

$$\text{تعداد افراد دارای ژنوتیپ aa} = 1671/20 = 0/645 \times 2591$$

مرحله چهار: استفاده از آزمون χ^2 جهت بررسی آنکه مشاهدات با مدل هاردی - واینبرگ همخوانی دارد یا نه:

آزمون χ^2 به منظور تعیین آنکه آیا اعداد مشاهده شده مربوط به ژنوتیپ‌های با مدل هاردی - واینبرگ همخوانی دارد یا نه به کار می‌رود.

$$\chi^2 = (\text{تعداد مورد انتظار} - \text{تعداد مشاهده})^2$$

$$\text{برای ژنوتیپ AA} \leftarrow \chi^2 = (130 - 101/05)^2 \div 101/05 = 8/29$$

$$\text{برای ژنوتیپ Aa} \leftarrow \chi^2 = (763 - 818/76)^2 \div 818/76 = 3/80$$

$$\text{برای ژنوتیپ aa} \leftarrow \chi^2 = (1698 - 1671/20)^2 \div 1671/20 = 0/43$$

$$\Sigma = 12/52$$

درجه آزادی مربوط به مقدار χ^2 حاضر برابر است با تعداد کلاس‌های داده‌ها (در این مثال 3) منهای 1، منهای تعداد پارامترهای محاسبه شده از داده‌ها (در این مثال، پارامتر p، از روی داده‌ها محاسبه گردیده بود)، یعنی $1 - 1 - 1 = 1$. باید توجه داشت که در محاسبه درجه آزادی برای q عددی کسر نمی‌شود، چون q بر اساس محاسبه p از رابطه $q = 1 - p$ بدست می‌آید. با درجه آزادی یک، مقدار χ^2 معنی‌دار است ($p < 0/01$).

از این مثال نتیجه می‌شود که فراوانی ژنوتیپ‌های مشاهده شده در نمونه با مدل هاردی - واینبرگ همخوانی ندارد. در نهایت باید اظهار داشت که حداقل یکی از فرضیات مدل برقرار نبوده است، اما کدام فرض؟ از طریق مدارک و شواهد دیگر پیشنهادهایی ارائه می‌گردد. در میان روغن ماهیان اطلس دو نژاد را می‌توان از طریق تفاوت‌های ظاهری موجود در سنگریزه شنوایی آنها، تشخیص داد. با بررسی سنگریزه شنوایی روغن ماهیان اقیانوس اطلس، ماهیان صید شده به دو ذخیره ساحلی و قطبی تقسیم شدند. نسبت‌های ژنوتیپی مربوط به نژاد ساحلی برابر با AA 23، Aa 250، و aa 964 بوده و در ذخایر قطبی برابر با AA 107، Aa

۵۱۳ و aa ۷۵۲ بود. این قبیل یافته‌ها و مشاهدات چه روش و دیدگاهی را در مورد ترکیب صید کل در پیش رو قرار می‌دهد؟

بررسی‌های مذکور با تعیین این که آیا ترکیب ژنوتیپی ذخایر ساحلی با مدل هاردی - واینبرگ همخوانی دارد یا نه؟ آغاز شد.

مرحله یک: محاسبه فراوانی آلل‌ها:

$$\text{آلل } 2438 \text{ یا ماهی } 1219 = 23 + 250 + 946$$

$$p = [(23 \times 2) + (250 \times 1)] \div 2438 = 0.121$$

$$p = [(250 \times 1) + (946 \times 2)] \div 2438 = 0.879$$

مرحله دو: محاسبه فراوانی مورد انتظار ژنوتیپ‌ها:

$$(p+q)^2 = p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

$$= 0.121^2 + 2(0.121)(0.879) + 0.879^2$$

$$= 0.014 + 0.213 + 0.772$$

هر کدام از اعداد سه گانه فوق به ترتیب از چپ به راست با فراوانی ژنوتیپ‌های AA، Aa و aa برابر است.

مرحله سه: محاسبه تعداد افراد مورد انتظار برای هر ژنوتیپ:

$$\text{قطعه ماهی } 17/07 = \text{تعداد افراد AA مورد انتظار} = 0.014 \times 12/9$$

$$\text{قطعه ماهی } 259/64 = \text{تعداد افراد Aa مورد انتظار} = 0.213 \times 1219$$

$$\text{قطعه ماهی } 941/07 = \text{تعداد افراد aa مورد انتظار} = 0.772 \times 1219$$

مرحله چهار: انجام آزمون χ^2 جهت بررسی همخوانی یا عدم همخوانی مشاهدات با مدل هاردی - واینبرگ:

$$\text{برای AA} \leftarrow \chi^2 = (23 - 17/07)^2 \div 17/07 = 2/06$$

$$\text{برای Aa} \leftarrow \chi^2 = (250 - 259/64)^2 \div 259/64 = 0/36$$

$$\text{برای aa} \leftarrow \chi^2 = (946 - 941/07)^2 \div 941/07 = 0/03$$

$$\Sigma = 2/45$$

نتیجه آزمون χ^2 که برابر ۲/۴۵ است از نظر آماری معنی‌دار نمی‌باشد. از این رو فراوانی ژنوتیپ‌ها در ذخیره ساحلی با مدل هاردی - واینبرگ همخوانی دارد.

سپس تعیین می‌شود که آیا فراوانی ژنوتیپ‌ها در ذخیره قطبی با مدل هاردی - واینبرگ همخوانی دارد یا نه.

مرحله یک: محاسبه فراوانی آلل‌ها:

$$\text{آلل } 1 = 2 \times 2744 = 5488 \text{ ماهی } = 1372 \times 4 = 5488$$

$$p = [(107 \times 2) + (513 \times 1)] \div 5488 = 0.265$$

$$q = [(513 \times 1) + (752 \times 2)] \div 5488 = 0.735$$

مرحله دو: محاسبه فراوانی مورد انتظار ژنوتیپ‌ها:

$$(p+q)^2 = p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

$$= 0.265^2 + 2(0.265)(0.735) + 0.735^2$$

$$= 0.070 + 0.390 + 0.540$$

مرحله سه: محاسبه تعداد افراد مورد انتظار برای هر ژنوتیپ:

$$\text{قطعه ماهی } AA = 0.070 \times 1372 = 96.04 \text{ مورد انتظار}$$

$$\text{قطعه ماهی } Aa = 0.390 \times 1372 = 535.08 \text{ مورد انتظار}$$

$$\text{قطعه ماهی } aa = 0.540 \times 1372 = 740.88 \text{ مورد انتظار}$$

مرحله چهار: انجام آزمون χ^2 جهت تعیین آنکه آیا مشاهدات با مدل هاردی - واینبرگ همخوانی دارد یا نه:.

$$AA \text{ برای } \rightarrow \chi^2 = (107 - 96.04)^2 \div 96.04 = 1.25$$

$$Aa \text{ برای } \rightarrow \chi^2 = (513 - 535.08)^2 \div 535.08 = 0.91$$

$$aa \text{ برای } \rightarrow \chi^2 = (752 - 740.88)^2 \div 740.88 = 0.17$$

$$\Sigma = 2.33$$

نتیجه آزمون χ^2 برابر 2/33، از نظر آماری معنی‌دار نمی‌باشد. از این رو فراوانی ژنوتیپ‌های مربوط به ذخیره قطبی نیز با مدل هاردی - واینبرگ همخوانی دارد.

در مجموع نتایج بررسی‌های انجام گرفته، بیانگر این موضوع است که انحراف از معادله هاردی - واینبرگ نشان می‌دهد، امور صید و صیادی ماهیان روغن اقیانوس اطلس مبتنی بر ذخایر ترکیبی است و در برگیرنده دو ذخیره ساحلی و قطبی می‌باشد. فراوانی ژنوتیپ‌های مربوط به هر کدام از این دو ذخیره با مدل هاردی - واینبرگ مطابقت دارد و نشان می‌دهد که هر کدام از آنها به نوبه خود از ذخایر پانمیکتیک می‌باشند. روشی که ذکر شد بنیان و اساس بسیاری از بررسی ذخایر ترکیبی را تشکیل می‌دهد که از این قبیل می‌توان به انجام آن در رابطه با قزل‌آلای دریاچه‌ای (Krueger et al. 1994) (Pella and Oncorhynchus spp. Milmer 1987; Waples et al. 1990), Smouse et al. 1990 و ماهی شاد آمریکایی، *Alosa sapidissima*.

(Epifanio et al. 1995; Brown et al. 1999; Brown et al. 1996) اشاره نمود. شناسایی ساختار ژنتیکی ذخایر در مدیریت صیادی - شیلاتی کاربردهای مهمی دارد.

ژنتیک کمی:

۱-۱۲- مقدمه

هرکس که جمعیت ماهیان را نمونه برداری کند، با این حقیقت که ماهیان دارای تنوع فنوتیپی زیادی هستند، موافق خواهد بود. تفاوت‌های بارز و هم از نظر اقتصادی در صفاتی مانند سرعت رشد، اندازه بدن در هنگام بلوغ و صفات دیگر، به فراوانی در درون و برون جوامع بسیاری از گونه‌های ماهیان وجود دارد (Allendorf et al., 1987). علی‌رغم آنکه نمی‌توان به طور مستقیم ویژگی‌های مورفولوژیک را در ماهیان گروه‌های جانوری مقایسه نمود، اما ماهیان در مقایسه با مهره‌دارای دیگر از نظر فنوتیپی متنوع‌تر و متغیرتر می‌باشند (Mayer 1969: 170). ضرایب تغییرات در میان افراد یک جمعیت به طور معمول، برای مهره‌دارای دیگر، کمتر از ۱۰٪ مذکور تجاوز می‌کند. اغلب تغییرات و تنوع موجود در میان جوامع ماهیان هم گونه، می‌باشد. وجود تنوع گسترده در خصوصیات کمی، سئوالاتی را پیش می‌آورد که باید دانشمندان علوم شیلاتی به آنها پاسخ دهند. چه مقدار از تغییرات مشاهده شده ناشی از عوامل ژنتیکی است؟ اهمیت سازگارکنندگی و تکاملی این تغییرات چیست؟ چگونه باید تغییرات ژنتیک کمی را در مباحث مدیریت و حفاظت شیلاتی مد نظر قرار دهیم؟

مباحث این فصل در مورد تنوع ژنتیک کمی است، در قالب تنوع مولکولی و کروموزومی، در فصل اول کتاب مطرح شده است. با این وجود، به منظور آشنایی بیشتر خوانندگان، با فرایندهای ژنتیک جمعیت، مبحث مجزایی نیز برای ژنتیک کمی در نظر گرفته شده است. در این فصل سعی بر این است که درک اولیه‌ای در مورد چگونگی اندازه‌گیری تغییرات کمی و اساس ژنتیکی آن، در خوانندگان ایجاد شود. در نهایت کاربرد تغییر و تنوع ژنتیک کمی در امور مدیریت و حفاظت شیلاتی ذکر می‌شود.

صفات پیوسته طبقی از فنوتیپ‌های قابل اندازه‌گیری را نشان می‌دهند. در این فنوتیپ‌های زیادی وجود دارد که تفکیک آنها تنها محدود به توانایی ما برای اندازه‌گیری آنها می‌باشد. مثال‌هایی از صفات پیوسته، شامل سرعت رشد، تولید و صفات مورفومتریک (مانند طول سر: طول استاندارد، قطر چشم: طول سر و ارتفاع بدن: طول استاندارد) وجود دارد.

صفات شمارشی، فنوتیپ‌هایی را نشان می‌دهند که اجزای آنها مستقل و مشخص بوده و باید برای طبقه‌بندی، آنها را شمارش نمود. فنوتیپ مربوط به این صفات با توجه به تعداد اجزایی صفت (مانند تعداد شعاع‌های نرم باله پشتی) تعیین می‌شود. نمونه‌هایی از صفات شمارشی در ماهیان، عبارت است از تعداد

فلس‌های خط جانبی، تعداد شعاع‌های باله‌ای و تعداد زواید باب‌المعده‌ای. در مواردی مانند هماوری که تعداد اجزاء و عناصر صفات بسیار زیاد می‌باشد، تفکیک نمودن صفات پیوسته و شمارشی دشوار است. صفات آستانه، صفاتی مشخص است که می‌توانند در یک فرد وجود داشته و یا نداشته باشند. عموماً بروز این صفات تحت تأثیر هر دو عامل ژنتیکی و محیطی قرار دارد. از مشاهده این صفات در فرد خاصی می‌توان استنباط نمود که فرد مذکور، حد آستانه لازم برای بروز آن صفت را دارد. این وابستگی همیشه به طور مستقیم قابل مشاهده نیست، لذت ژنتیک دانان برای قضاوت در مورد احتمال بروز صفت آستانه در افراد نیازمند در اختیار داشتن اطلاعات شجره‌ای آنها هستند. آشناترین نمونه‌های صفات آستانه بیماری دیابت، شیزوفرنی و انواع معینی از سرطان در انسان است. با توجه به نوع عوامل ژنتیکی و غیرژنتیکی بروز یک صفت آستانه، احتمال آنکه فرد دارای پیش زمینه ژنتیکی بیماری دیابت، دچار این بیماری شود به عواملی مانند رژیم غذایی، وزن و سن او بستگی خواهد داشت. صفات آستانه در ماهیان هم قابل مشاهده است. ژنتیک دانان چنین فرض می‌دارند که تمایب برخی از آزادماهیان به پیش‌رس شدن و انجام مهاجرت زودهنگام، از صفات آستانه است.