

Phenotype and growth trend differences in varied populations of common carp in Iran

Sadr A.S.¹; Nazemroaya S.^{1*}; Youneszadeh Feshalami M.¹; Hekmatpour F.¹; Houshmand H.¹;
Ahahangarzadeh M.¹; Golshan M.²; Hafezieh M.²; Sharifian M.²; Jorfi E.²; Kianersi Nenadegani F.¹

*Samira.Nazemroaya@gmail.com

1- Aquaculture Research Center -South of Iran, Iranian Fisheries Science Research Institute (IFSRI),
Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Ahvaz, Iran

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

Received: May 2025

Accepted: June 2025

Published: September 2025



Copyright: © 2025 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

Introduction

Common carp is one of the most widely cultured freshwater fish species worldwide, having been introduced to all continents except Antarctica over the past two centuries. There are different populations of common carp, which can be morphologically distinguished, including *Cyprinus carpio carpio*, *C. c. haematopterus*, *C. c. viridiviolaceus*, and *C. c. aralensis*, each native to various regions such as Ponto-Caspian, the far East, northern Vietnam, and central Asia. These populations inhabit diverse environments due to their genetic diversity and adaptation capabilities. These genetic diversities lead to distinct phenotypic modifications, including variations in growth rate, body color, scale pattern, body shape, temperature, and hypoxia. One crucial initial step in establishing a living gene bank is to form a reference population that exhibits wide genetic and morphological diversity. Genetic diversity enables species to adapt to changing environments, and it provides a valuable source of individuals and genes for selective breeding programs in aquaculture, which can help meet production and consumer demands for fish strains. Knowledge of the population structure and genetic variation of existing strains/ populations is necessary for fish management and conservation, and many molecular markers and genetic tools have been used to evaluate the genetic diversity of common carp populations. In this study, we investigated the morphological differences between various common carp populations collected for the country's first live gene bank. These populations included Hungarian TATA (*Cyprinus carpio carpio*), China-originated (*C. c. haematopterus*), North Iran, and South Iran populations, all of which were initially genetically differentiated from one another using whole-genome single-nucleotide polymorphism (SNP) markers.

Methodology

The populations (South Iran, North Iran, TATA, and China-originated carp) were cultured under the same conditions in earthen ponds with the flow-through system at the South Iran Aquaculture Research Institute (SIARI). Each individual was tagged with a Passive Integrated Transponder (PIT) tag, and the phenotypic indices, including the length and weight growth, body height, and body width, were investigated in the populations over two years. Samples for genomic analysis were taken from the caudal fin and preserved in ethanol. Genomic DNA was isolated with a Denazist Kit (S-1033 GBS, Iran) with some modifications to the protocol. The purity of DNA was quantified and assessed with a NanoDrop Microvolume Spectrophotometer (Hercuvan Lab System Nano.300, Malaysia), while DNA integrity was evaluated through 1% agarose gel electrophoresis. After ensuring the quality of the extracted DNA, the samples were sent to BGI China for sequencing. The 2100 Bioanalyzer system was used for quality control of DNA samples. FastQC was employed to check the quality of the raw sequence data from high-throughput sequencing pipelines, and data editing was performed using Trimmomatic software version 0.35. The BWA-MEM algorithm was used to align the sequence reads against a large reference genome for alignment. The pairwise population genetic differentiation index (F_{ST}) was used to differentiate the populations. It is important to note that the Caspian-sea common carp population was collected for the gene bank but not included in the breeding stage, and no morphological data was recorded for it. This population was included in this study solely to assess the differentiation and genetic identity of the breeding populations from North and South Iran and to understand its relationship with the breeding populations.

Results

The results indicated no population stratification among the North Iran, South Iran, and TATA populations, as evidenced by the low genetic distance between them. The samples from these regions were relatively genetically uniform. However, the populations from China and the Caspian Sea showed genetic differences compared to the other three populations (Fig 1).



Figureure 1: Tagging and recording the phenotypic and biometric indices of selected individuals

After the south Iran carp population, the TATA population exhibited the highest average body weight, length, and width at the end of the period. The distribution of individuals based on weight growth in all three populations is skewed, resulting from the selection of superior individuals after one year of breeding.

However, at the end of the breeding period, the distribution in the Hungarian and North Iran populations is normal, displaying no skewness or kurtosis. In contrast, the China-originated and south Iran show skewness and kurtosis in one direction (Fig. 2).

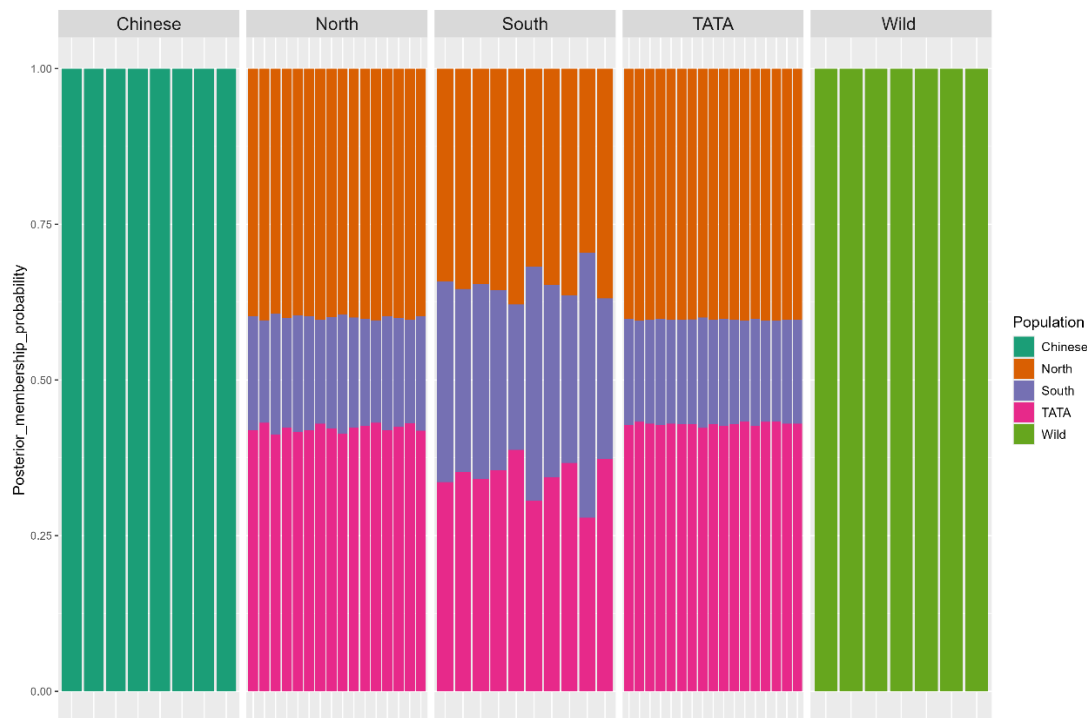


Figure 2: Cluster analysis of Common carp population originated from five different region Wild refers to Caspian carp

Results from one-way ANOVA and Multivariate analysis of variance tests revealed that factors such as population, sex, time, and their interaction influenced all body measurements. The highest body height across all seasons belonged to the South Iran carp, which is consistent with their plate shape. This is likely a result of several years of selective breeding by farmers in Khuzestan, emphasizing marketability. The TATA carp also exhibited greater body height and width than the northern and Chinese populations. Additionally, the South Iran population had the lowest variance in body height, followed by the TATA population, which aligns with the morphological uniformity observed in these groups. In all populations, males exhibited larger body sizes than females, with the most significant differences noted in terms of body weight and length. The TATA, China-originated, and North Iran populations showed a clear correlation between total length and weight. In contrast, the South Iran population demonstrated more dispersion, showing the lowest correlation between length and weight. Notably, the growth trend in the TATA population was superior to that of the Northern Iran and China-originated carp.

Discussion and conclusion

The common carp populations in Iran originated from Hungary approximately 70 years ago. Since genetic diversity is the origin of morphological differences between populations, the morphological characteristics

of these populations closely resemble those of the Hungarian TATA population. This similarity in body shape (characterized by high body height and a plate-like shape) in these populations can be attributed to their genetic background. The genetic differences observed between different common carp populations in Iran highlight the importance of maintaining these diverse populations in live gene banks. Except for the South Iran population, the TATA population showed satisfactory growth compared to other populations. The variations in growth between these populations point to genetic influences, suggesting potential for improvement through selective breeding. Additionally, sex has been identified as a factor that affects body measurements, which should be taken into account in selection and breeding programs. Weight and length are traits that exhibit both genetic and phenotypic correlations. Nielsen *et al.* (2010) observed a relatively high heritability for weight, length, and survival during the six months leading up to harvest in common carp, indicating that selective breeding for growth and survival is likely to be successful. Given the substantially estimated within-population additive genetic variance for weight, there is considerable potential for creating a synthetic population with a strong genetic foundation. This could be utilized to establish a selective breeding program for common carp at SIARI. The findings of this study are valuable for developing genetic selection programs for common carp and enhancing the potential for utilizing this species' genetic resources. This research can serve as a foundation for future studies and practical applications in various aspects of common carp aquaculture. In aquaculture programs, it is essential to prioritize the maintenance and increase of genetic diversity within different common carp populations.

Conflict of Interest

The authors declare that there are no conflicts of interest.

Acknowledgment

We would like to express our gratitude to the Khuzestan Governorate, Iran's Vice-Presidency for Science, Technology, and Knowledge-Based Economy Affairs, and the Iranian Fisheries Research Institute (IFSRI) for their financial support of common carp breeding project. This study is part of project No. 124-74-12-033-98043-981235.

مقاله علمی - پژوهشی:

تفاوت‌های ریختی و الگوی رشد بین جمعیت‌های مختلف کپور معمولی در ایران

آیه سادات صدر^۱، سمیرا ناظم‌رعایا^{۱*}، محمد یونس‌زاده فشالمی^۱، فاطمه حکمت‌پور^۱، حسین هوشمند^۱، مینا آهنگرزاده^۱، مهدی گلشن^۲، محمود حافظیه^۲، منصور شریفیان^۲، الهام جرفی^۲، فرحناز کیان ارثی ننادگانی^۱

* samira.nazemroaya@gmail.com

۱- پژوهشکده آبی‌پروری جنوب کشور، مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اهواز، ایران

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

تاریخ چاپ: شهریور ۱۴۰۴

تاریخ پذیرش: خرداد ۱۴۰۴

تاریخ دریافت: اردیبهشت ۱۴۰۴

چکیده

از مهم‌ترین اقدامات آغازین در تشکیل یک بانک ژن زنده، تشکیل جمعیت مرجع با تنوع ژنتیکی و ریختی گسترده است. در این مطالعه، تفاوت‌های ریختی بین چهار جمعیت مختلف کپور معمولی (شمال ایران، جنوب ایران، چینی و کاسپی) در اولین بانک ژن زنده این ماهی در کشور بررسی شد که در ابتدا تمایز ژنتیکی آنها با نشانگر SNP بر پایه توالی‌یابی کل ژنوم از یکدیگر مشخص شد. رشد طولی و وزنی و ارتفاع و قطر بدن در طول دو سال در جمعیت‌ها بررسی شد. نتایج نشان‌دهنده آن بود که به دلیل فاصله ژنتیکی کم بین جمعیت‌های شمال و جنوب ایران و جمعیت تاتا، لایه‌بندی جمعیتی بین این جمعیت‌های این مناطق وجود نداشت و نمونه‌ها از نظر ژنتیکی یکنواخت بودند. جمعیت‌های چینی و کاسپی، تفاوت ژنتیکی را با سه جمعیت دیگر نشان دادند. نتایج آزمون‌های آنالیز واریانس یک‌طرفه و چندطرفه نشان داد که نوع جمعیت، جنسیت، زمان و اثرات تعاملی آنها بر تغییرات تمام اندازه‌گیری‌های بدنی اثرات معنی‌دار دارد ($p < 0.05$). بیشترین ارتفاع بدن در همه فصول متعلق به کپور جنوب ایران بود که با شکل بشقابی آن مطابقت دارد که نتیجه انتخاب چندین ساله تکثیرکنندگان این جمعیت‌ها در خوزستان با توجه به بازارپسندی آن است. پس از کپور جنوب ایران، کپور تاتا نیز دارای ارتفاع و قطر بیشتر بدن نسبت به دو جمعیت دیگر (شمال ایران و چینی) است. همچنین کمترین تغییرات در مقدار ارتفاع بدن متعلق به کپور جنوب ایران و پس از آن تاتا بود که با یکدست بودن ریخت این جمعیت‌ها مطابقت داشت. در همه جمعیت‌ها، اندازه‌های بدنی در جنس ماده بزرگتر از جنس نر بود به‌ویژه بیشترین تفاوت در وزن و طول بدن مشاهده گردید. ارتباط بین طول کل و وزن در سه جمعیت تاتا مجارستان، چینی و شمال ایران کاملاً مشهود بود، اما در جمعیت جنوب ایران، داده‌ها بیانگر پراکندگی بودند و کمترین ارتباط بین طول و وزن در این جمعیت مشاهده شد. روند رشد در تاتا بهتر از شمال ایران و چینی است. با توجه به وجود تفاوت‌های ریختی و رشدی بین جمعیت‌ها، باید برنامه‌های انتخاب ژنتیکی با رویکرد بهینه‌سازی و استفاده از تنوع ژنتیکی موجود صورت پذیرد.

لغات کلیدی: *Cyprinus carpio*، تنوع ژنتیکی، رشد، به‌گزینی

*نویسنده مسئول



Copyright: © 2025 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

مقدمه

کپور معمولی (*Cyprinus carpio*) تقریباً در تمام مناطق با شرایط مناسب آب‌وهوایی به صنعت آبی‌پروری معرفی شده است. این گونه آب شیرین یکی از پرکاربردترین گونه‌های آبی‌پروری در جهان است که شامل جمعیت‌های مختلف در رویشگاه‌های متفاوت است (Nedoluzhko et al., 2021). چهار زیرگونه از کپور معمولی شامل *C. c. carpio* (کپور اروپایی یا پونتو-کاسپی)، *C. c. haematopterus* (حوضه رودخانه آمور تا جنوب چین)، *C. c. viridiviolaceus* (کپور معمولی ویتنام شمالی)، و *C. c. aralensis* وجود دارند که بر اساس داده‌های ریختی مشخص شده‌اند (Kirpichnikov, 1967; Nedoluzhko et al., 2021). در چند دهه گذشته، تلاش‌های زیادی برای توسعه منابع ژنتیکی و ژنومی برای درک بهتر زیست‌شناسی آن و برای اهداف اصلاحی نژادی صورت گرفته است. ژنوم کپور معمولی به طور کامل توالی‌یابی شده و ژن‌های عملکردی آن حاشیه‌نویسی¹ شده است که نقطه عطفی برای مطالعه ژنتیکی و اصلاح ژنتیکی گونه‌های مهم آبی‌پروری است. تنوع ژنتیکی عبارت است از تنوع ویژگی‌های وراثتی موجود در یک جمعیت یک گونه و به عنوان راهکاری برای سازگاری جمعیت با محیط‌هایی است که در حال تغییر هستند. این سازگاری برای جمعیت‌های وحشی و سویه‌های اهلی کاربرد دارد که دارای سطوح پایین‌تری از تنوع هستند. کپور معمولی از نظر ژنتیکی متنوع و گونه‌ای موفق است که با محیط‌های مختلف در طیف وسیع اکولوژیک (عمدتاً در اوراسیا) سازگار شده است و سابقه اهلی‌سازی بیش از ۲۰۰۰ سال دارد. این گونه به سویه‌های متعدد و جمعیت‌های بومی مختلف تکثیر و پرورش داده شده است که تغییرات فنوتیپی مشخصی در رنگ بدن، الگوی فلس و شکل بدن، سرعت رشد، تحمل به تغییرات دما و هیپوکسی دارند که تا حدی به تنوع ژنومی آن نسبت داده می‌شود. این احتمال وجود دارد که افراد با تنوع بیشتر در یک جمعیت، دارای آلل‌های متنوعی باشند که مناسب تغییراتی محیطی است. بنابراین، احتمال زنده ماندن آنها برای تولید فرزندان که دارای آن آلل‌ها باشند نیز بیشتر است. مبنای ژنتیکی برای سازگاری و

بقاء ماهی کپور معمولی در زیستگاه‌ها و محیط‌های مختلف از طریق تنوع ژنتیکی جمعیت‌های متنوع و سویه‌ها فراهم می‌شود. در نتیجه، امکان گسترش موفقیت‌آمیز آن را در سراسر جهان فراهم می‌کند. سطوح بالای تنوع ژنتیکی و ژرم پلاسم‌های فراوان نیز پایه انتخاب و پرورش کارآمد را برای کپور با عملکرد بهبود یافته در آبی‌پروری فراهم می‌سازد. منابع ژنومی و ابزارهای ژنتیکی مطمئناً تأثیرات محیط را افزایش می‌دهند و پیشرفت اصلاح نژاد را تقویت می‌کنند (Xu et al., 2016).

از آنجایی که آشنایی با ساختار جمعیت و تفاوت‌های ژنتیک سویه‌های موجود برای مدیریت و حفاظت ماهی ضروری است، بسیاری از نشانگرهای مولکولی و ابزارهای ژنتیکی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های کپور معمولی به کار برده شده‌اند (Chen et al., 2022). از رایج‌ترین آماره مورد استفاده برای تمایز جمعیت می‌توان به شاخص تثبیت Wright (F_{ST}) اشاره کرد. از آنجایی که هر چه آلل سودمند به مرحله تثبیت نزدیک‌تر باشد، میزان تمایز بین جمعیتی برای آن افزایش می‌یابد، این روش نیز برای شناسایی نشانه‌های تثبیت شده یا نزدیک به تثبیت از طریق مقایسه جمعیت‌های مختلف و نیز هنگامی که اندازه نمونه جمعیت‌های مورد نظر شبیه باشند، مناسب است (Sabeti et al., 2006).

هدف از این مطالعه، بررسی الگوهای رشد و ارتباط آن با تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مختلف کپور معمولی در اولین بانک ژن زنده آن در ایران است. این مطالعه به درک بهتر تفاوت‌های ریختی و رشدی در جمعیت‌های مختلف کپور معمولی موجود در کشور به منظور بهره‌گیری در تکثیر و اصلاح نژاد آنها به پرورش دهندگان و محققان این عرصه کمک می‌کند.

مواد و روش کار

جمع‌آوری نمونه‌ها و اندازه‌گیری شاخص‌های ریختی
در این مطالعه از جمعیت‌های کپور معمولی با منشاء مختلف شامل جمعیت تاتا (مجارستان)، چینی (خریداری شده از شرکت ران در استان گلستان)، شمال ایران (مزرعه خصوصی خوشحال) و جنوب کشور یا بومی استان خوزستان (مزارع

¹ Annotate

شرکت ICAR (MJ Utrecht, The Netherlands) از طریق سرنگ مخصوص در حفره صفاق (peritoneal cavity) برچسب‌گذاری رادیویی شدند. این تگ‌ها از شرکت واسطه ایرانی تپکو (<https://www.tapcotag.com>) خریداری شدند. این ماهیان برای پرورش در سال دوم در استخرها ذخیره‌سازی شدند. از آنجایی‌که در آغاز پروژه، مولد جمعیت جنوب ایران (بومی خوزستان) برای تکثیر همزمان با سایر جمعیت‌ها در دسترس نبود، در میانه مسیر پژوهش، از پاییز ۱۳۹۹ جمعیت جنوب ایران، با سن مشابه دیگر جمعیت‌ها، از کارگاه بخش خصوصی به بانک ژن پژوهشکده منتقل شد (هرچند داده‌های مربوط به رشد طولی و وزنی، ارتفاع و قطر بدن موجود بود اما چون بیرون از مجموعه پژوهشکده ثبت شده بود، به دلیل عدم اطمینان در نظر گرفته نشد). شاخص‌های ریختی (شاخص‌های وزن، طول کل، طول استاندارد، ارتفاع و قطر بدن) به صورت دوره‌ای (فروردین ۱۳۹۹، پاییز ۱۳۹۹، فروردین ۱۴۰۰ و اسفند ۱۴۰۰) در بازه زمانی دو ساله ثبت شد (شکل ۱).

خصوصی خوزستان) با جمع‌آوری در بانک ژن زنده پژوهشکده آبی‌پروری جنوب کشور از سال ۱۳۹۷ استفاده شد. براساس برنامه زمان بندی، پرورش همزمان جمعیت‌های تاتا مجارستان، چینی و شمال ایران از فروردین ماه ۱۳۹۸ با ذخیره سازی با تراکم‌های مشخص در استخرهای ۱۷۰۰ متر مربعی با میانگین وزنی ۲۵-۳۵ گرم آغاز شد. غذادهی و ثبت شاخص‌های کمی و کیفی آب به‌طور منظم در طول دوره پرورش انجام گرفت. زیست‌سنجی ماهیان به‌صورت فصلی انجام شد. پس از پایان دوره پرورش یکساله، به منظور تشکیل جمعیت پایه بر اساس محاسبه میانگین جمعیت از نظر شاخص‌های رشد و انتخاب افراد برتر از لحاظ فنوتیپی نسبت به میانگین جمعیت، جمعیت پایه تشکیل و سپس تگ زنی افراد انتخاب شده و تشکیل بانک ژن زنده از جمعیت‌های مورد مطالعه انجام شد. ۱۰۰ ماهی از هر جمعیت (نر و ماده) توسط تگ ترانسپوندر یکپارچه غیرفعال (PIT Tag: Passive Integrated Transponder) با ابعاد ۱۲×۱۲/۲ میلی‌متری



شکل ۱: تگ‌زنی افراد انتخابی و ثبت اطلاعات ریختی و زیست‌سنجی

Figure 1: Tagging and recording the phenotypic and biometric indices of selected individuals

تعیین کمیت و کیفیت DNA استخراجی

از آنجایی‌که تعیین خلوص DNA مورد مطالعه از اهمیت خاصی برخوردار بود، برای بررسی کیفیت DNA از روش الکتروفورز نمونه‌های استخراجی روی ژل آگارز یک درصد و برای سنجش کمیت آن از اندازه‌گیری غلظت با نانو دراپ (Hercuvan Lab System Nano.300، ساخت مالزی) استفاده شد. بدین منظور با استفاده از دستگاه نانودراپ نسبت جذب در طول موج ۲۶۰ به ۲۸۰ نانومتر، ۲۶۰ به ۲۳۰ نانومتر و غلظت و کیفیت هر نمونه مشخص شد (Sahoo et al., 2023).

جمع‌آوری نمونه و استخراج DNA

به منظور بررسی ژنتیکی جمعیت‌ها و یافتن تمایز ژنتیکی بین آنها، نمونه باله دمی ۵۸ نمونه از چهار جمعیت پایه جمع‌آوری شد. نمونه‌ها در الکل ۷۰ درصد قرار داده شد و به آزمایشگاه منتقل شد. روش استخراج برای به‌دست آوردن DNA با کیفیت با استفاده از کیت شرکت دنا زیست با شماره کاتالوگ S-1033 GBS بهینه شد.

https://ftp.ensembl.org/pub/release-108/fasta/cyprinus_carpio_carpio/dna/ و فایل
حاشیه‌نویسی آن به آدرس
https://ftp.ensembl.org/pub/release-108/gtf/cyprinus_carpio_carpio استفاده شد.
فایل‌های حاشیه‌نویسی در نسخه‌های مختلف با فرمت‌های
gtf و gff در بانک‌های اطلاعات ارائه می‌شوند. هم‌ردیفی و
مکان‌یابی خوانش‌ها بر روی ژنوم مرجع با استفاده از نرم‌افزار
BWA mem انجام گرفت (Li, 2013).

آزمون‌های آماری

برای انجام آزمون آماری بر پایه تمایز بین جمعیت‌ها،
داده‌های ویرایش‌شده حاصل از توالی‌یابی برای شناسایی و
ژنوتایپ‌سازی نشانگرهای SNP مورد تحلیل قرار گرفتند.
بدین منظور از مجموعه نرم‌افزارهای Stacks استفاده شد که
به طور خاص برای تجزیه و تحلیل داده‌های RAD-seq،
GBS و روش‌های مشابه طراحی شده است. ابتدا توالی‌های
مشابه در هر نمونه خوشه‌بندی شدند و لوکوس‌ها تعریف
شدند. سپس یک کاتالوگ مرکزی از همه لوکوس‌های
شناسایی‌شده در بین نمونه‌ها ایجاد شد و تطبیق هر نمونه با
کاتالوگ مرکزی صورت گرفت و در نهایت پس از فیلتر
کردن SNPs، محاسبه شاخص‌های ژنتیکی مانند F_{ST} و
هتروزیگوسیتی (He)، تولید فایل‌های خروجی مختلف از
جمله فایل‌های VCF و فرمت‌های مورد استفاده در
آنالیزهای جمعیتی و ساختاری استفاده شد
(<https://catchenlab.life.illinois.edu/stacks/>).

برای بررسی آماری وجود یا فقدان تفاوت فنوتیپی بین
جمعیت‌های مختلف ماهی کپور معمولی و در طول زمان،
داده‌های مرتبط با ویژگی‌های بدنی نظیر وزن بدن، طول
کل، طول استاندارد، ارتفاع بدن و قطر بدن در چهار بازه
زمانی (بهار ۱۳۹۹، پاییز ۱۳۹۹، بهار ۱۴۰۰ و زمستان
۱۴۰۰) گردآوری شدند. پس از آماده‌سازی داده‌ها، برای
حذف داده‌های پرت^۱ از روش فاصله بین چارک‌ها (IQR)
استفاده شد.

توالی‌یابی DNA استخراج شده بر پایه تکنولوژی توالی‌یابی نسل جدید

پس از اطمینان از کیفیت DNA استخراجی، نمونه‌ها جهت
توالی‌یابی به شرکت BGI چین ارسال شدند. نمونه‌های
ارسال شده ابتدا از لحاظ کیفیت با دستگاه بیوانالیز مدل
۲۱۰۰ ساخت شرکت Agilent در این مرحله مورد بررسی
قرار گرفتند. در نهایت توالی‌یابی صورت گرفت.

تجزیه و تحلیل داده‌های حاصل از توالی‌یابی

سنجش کیفیت داده‌ها در فرمت fastq و با استفاده از نرم‌افزار
FastQC نسخه ۰.۱۱.۲۰ تحت سیستم عامل لینوکس
(

<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/cts/fastqc>) انجام شد (Andrews, 2010).

ویرایش داده‌ها

ویرایش داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار Trimmomatic نسخه
۰.۳۵ انجام شد (Bolger et al., 2014). این مرحله شامل
حذف آداپتورها و حذف یا ویرایش (کوتاه نمودن)
خوانش‌های بی‌کیفیت است. فهرست آداپتورهای به کار رفته
هنگام انجام توالی‌یابی و تشکیل کتابخانه‌های مورد نیاز و با
توجه به دستگاه مورد استفاده برای توالی‌یابی به صورت
پیش فرض در برنامه قرار داده شد. طول همه خوانش‌ها پیش
از ویرایش ۱۵۰ جفت باز بود. نتیجه ایجاد دو فایل خروجی
فشرده (جفت شده یا ویرایش شده و جفت نشده) برای
هریک از فایل‌های حاوی خوانش‌های رفت و برگشتی بود که
فایل ویرایش شده برای تجزیه و تحلیل‌های پایین دستی
بعدی مورد استفاده قرار گرفت و فایل حاوی خوانش‌های
بی‌کیفیت و جفت نشده (رد شده) حذف شد.

پیکربندی ترانسکریپتوم و ژنوم مرجع ماهی کپور معمولی

به منظور مکان‌یابی خوانش‌ها بر ژنوم، به اطلاعات ژنوم
مرجع و نیز حاشیه‌نویسی‌های آن نیاز است. آخرین نسخه
به روز شده این اطلاعات از بانک اطلاعات گرفته شد. در این
مطالعه، از ژنوم مرجع به آدرس

¹ Outliers

خطی استفاده شده و مقدار ضریب همبستگی و سطح معناداری آن گزارش شد.

نتایج

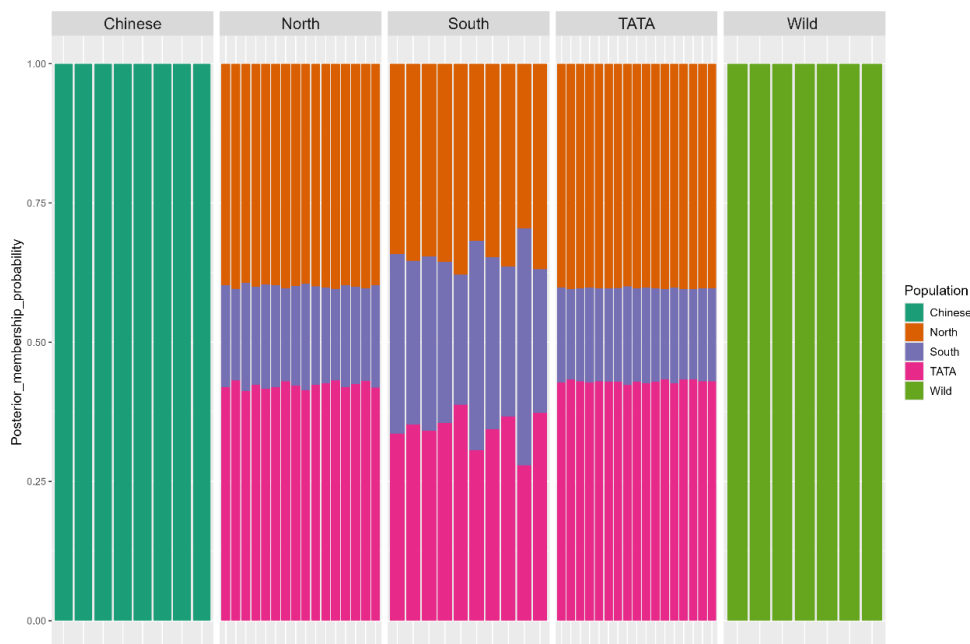
تمایز ژنتیکی جمعیت‌ها

برای مشخص کردن وجود یا فقدان تفاوت ژنتیکی بین نمونه‌های جمع‌آوری شده از هر منطقه در بانک ژن زنده کپور معمولی، تمایز ژنتیکی نمونه‌ها مورد آزمون قرار گرفت. نتایج تحلیل خوشه‌ای ۵۸ کپور معمولی از پنج منطقه جغرافیایی در شکل ۲ نشان داده شده است. به دلیل فاصله ژنتیکی کم بین جمعیت‌های شمال جنوب کشور و جمعیت تاتا، لایه‌بندی جمعیتی بین این مناطق وجود نداشت. جمعیت چینی و کاسپی، خوشه‌های جداگانه‌ای را تشکیل دادند، اما جمعیت‌های جنوب و شمال ایران و جمعیت تاتا مجارستان، لایه‌های مشترکی از شباهت‌های ژنتیکی را از خود نشان دادند.

برای بررسی تفاوت معنادار بین گروه‌ها، از آزمون تحلیل واریانس (ANOVA) و در صورت لزوم از آزمون‌های «مقایسه زوجی ویلکاکسون» استفاده شد. همچنین برای تحلیل تغییرات زمانی در هر جمعیت، مقایسه‌های زوجی بین زمان‌های مختلف انجام شد.

به دلیل فقدان داده مربوط به زمان ابتدایی (بهار ۱۳۹۹) در جمعیت جنوب ایران، مقایسه‌های آماری در این جمعیت تنها بین سه زمان باقی‌مانده (پاییز ۱۳۹۹، بهار ۱۴۰۰ و زمستان ۱۴۰۰) انجام شد. با توجه به این‌که تحلیل‌های آماری و آزمون‌های ویلکاکسون به صورت زوجی و مستقل از زمان مرجع عمل می‌کنند، حذف این زمان ابتدایی مشکلی در روند تحلیل ایجاد نکرده و مقایسه‌های بین سایر زمان‌ها در این جمعیت به‌درستی انجام پذیرفت.

در نهایت، برای نمایش روند رشد در جمعیت‌ها، میانگین و خطای استاندارد وزن بدن در زمان‌های مختلف محاسبه و نمودار روند رشد رسم گردید. همچنین برای بررسی رابطه بین وزن بدن و طول کل، از تحلیل همبستگی و برازش مدل



شکل ۲: تحلیل خوشه‌ای کپور معمولی پنج جمعیت از پنج منطقه جغرافیایی مختلف

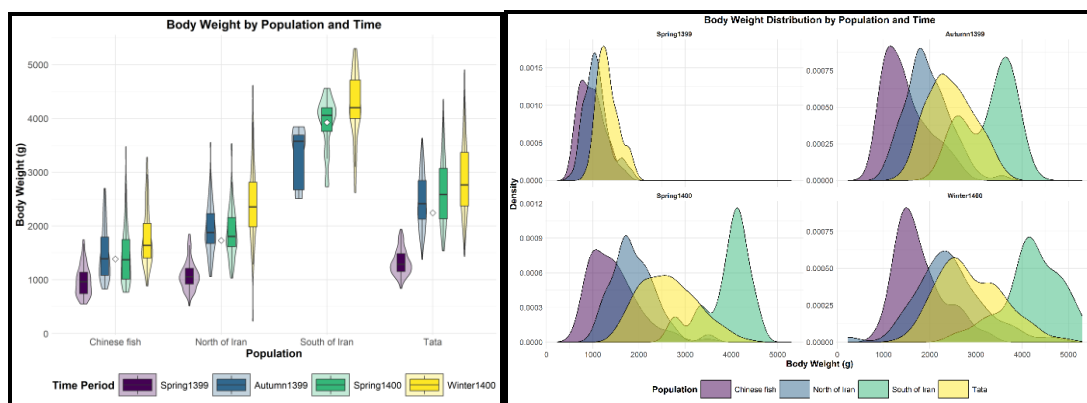
Figure 2: Cluster analysis of Common carp population originated from five different region Wild refers to Caspian carp

تنوع نوکلئوتیدی متوسط ($0/2889$)، هتروزیگوسیتی مشاهده شده پایین ($4/15$ درصد) و ضریب درون آمیزی بسیار بالا ($0/6483$) پس از شمال ایران از مشخصات جمعیت جنوب ایران بود. مقدار بالای ضریب درون آمیزی نشان‌دهنده سطح بالای جفت‌گیری خویشاوندی یا ساختار جمعیتی بسته است که باعث کاهش تنوع ژنتیکی درون جمعیت شده است.

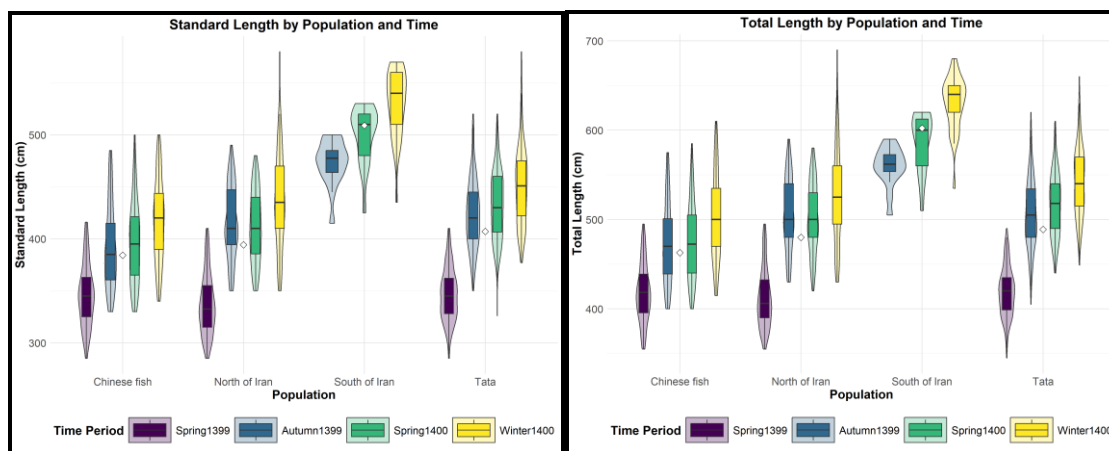
آماره‌های توصیفی صفات قابل اندازه‌گیری بدن در جمعیت‌های منتخب

در این مطالعه، اطلاعات مربوط به اندازه‌گیری‌های بدنی شامل وزن، طول کل، طول استاندارد، ارتفاع و عرض بدن چهار جمعیت کپور معمولی شامل کپور چینی، کپور شمال ایران، کپور جنوب ایران و کپور تاتا در چهار زمان مختلف شامل بهار ۱۳۹۹، پاییز ۱۳۹۹، بهار ۱۴۰۰ و زمستان ۱۴۰۰ جمع‌آوری و ثبت شده‌اند. نتایج تحلیل واریانس نشان داد که تفاوت معنی‌داری در تمام اندازه‌گیری‌های بدنی بین چهار جمعیت وجود دارد ($p < 0/05$) که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی در بین آنهاست (شکل‌های ۳ الی ۵).

جمعیت چینی از یک سو بیشترین درصد پلی‌مورفیسم ($19/25$ درصد)، بیشترین هتروزیگوسیتی مشاهده شده ($14/20$ درصد) و بیشترین تنوع نوکلئوتیدی یا Pi ($0/310$) و کمترین ضریب درون آمیزی ($0/4558$) را نشان داد. مقدار بالای تنوع نوکلئوتیدی نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالا در سطح ژنوم است. اگرچه جمعیت شمال ایران دارای بیشترین درصد پلی‌مورفیسم ($15/33$ درصد) بالا بعد از جمعیت چینی است، اما دارای کمترین هتروزیگوسیتی مشاهده شده ($3/67$ درصد) و شدیدترین ضریب درون آمیزی Fis ($0/6526$) بود. جمعیت کپور کاسپی دارای کمترین درصد پلی‌مورفیسم ($9/75$ درصد) بود، ولی همزمان که تنوع نوکلئوتیدی آن ($0/2879$) مشابه شمال ایران بود، هتروزیگوسیتی مشاهده شده در آن نسبتاً بالا ($7/54$ درصد) و ضریب درون آمیزی آن ($0/5960$) متوسط بود. درصد پلی‌مورفیسم در جمعیت‌های جنوب ایران ($14/26$ درصد) و تاتا ($14/79$ درصد) متوسط بود، اما کمترین تنوع نوکلئوتیدی در تاتا ($0/2526$) و ضریب درون آمیزی بالا ($0/5689$) و هتروزیگوسیتی مشاهده شده پایین ($3/90$ درصد) داشت. درصد پلی‌مورفیسم متوسط ($14/26$ درصد) و

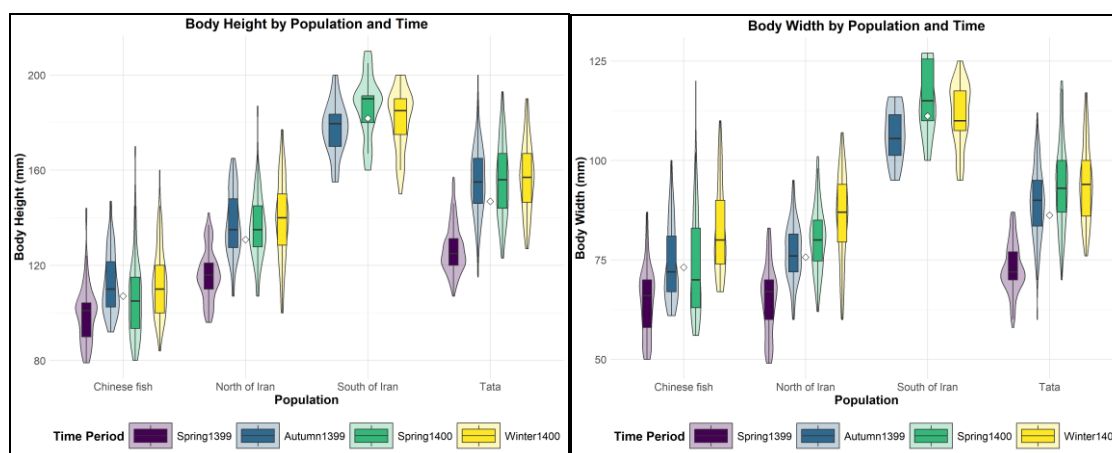


شکل ۳: مقایسه وزن بدن در فصول مختلف بین جمعیت‌ها (سمت راست) و توزیع افراد در هر جمعیت (سمت چپ)
Figure 3: The comparison of body weight in different season among varied population (right) and the distribution of individual in each population (left)



شکل ۴: مقایسه طول استاندارد (سمت راست) و طول کل (سمت چپ) و در فصول مختلف بین جمعیت‌ها

Figure 4: The comparison of standard body length (right) and total body length (left) in different season among varied population



شکل ۵: مقایسه ارتفاع بدن (سمت راست) و قطر بدن (سمت چپ) در فصول مختلف بین جمعیت‌ها

Figure 5: The comparison of body height (right) and body width (left) in different season among varied population

اندازه‌ها بود ($p < 0.05$). چنانچه در شکل‌های ۳ (راست) و ۴ و ۵ مشخص است، جایی در شکل که کشیدگی کمتر دیده می‌شود بدان معناست که توزیع داده‌ها در آن مکان بیشتر است (افراد بیشتری در یک دامنه مشخص قرار می‌گیرند). این اتفاق در هر سه جمعیت چینی، تاتا و شمال ایران در بهار ۱۳۹۹ افتاده است اما با گذشت زمان تفاوت بین افراد و توزیع داده‌ها در فصل‌های بعدی بیشتر می‌شود به‌طوری‌که در کپور شمال ایران، تفاوت زیادی در زمستان ۱۴۰۰ در مقادیر داده‌های وزنی (شکل راست ۳)، طولی (شکل ۴) و ارتفاع و قطر بدن (شکل ۵) افراد نسبت به سایر زمان‌های نمونه‌برداری مشاهده شد ($p < 0.05$). بعد از کپور جنوب

نتایج آزمون‌های آنالیز واریانس یک‌طرفه و چندطرفه نشان داد که نوع جمعیت، جنسیت و زمان و اثرات تعاملی آنها بر تمام اندازه‌گیری‌های بدنی اثر معنی‌دار دارد ($p < 0.05$) به‌طوری‌که روند رو به رشدی در میانگین اندازه‌گیری‌های بدنی با گذشت زمان در تمام جمعیت‌ها مشاهده شد ($p < 0.05$). برای بررسی دقیق‌تر تفاوت‌های زمانی در هر جمعیت، آزمون مقایسه‌های چندگانه انجام شد که نشان داد بیشترین تفاوت‌ها در مراحل اولیه رشد وجود دارد و تا زمستان ۱۴۰۰ تفاوت‌ها کاهش می‌یابد. برای جمعیت جنوب ایران نیز به دلیل کم‌بودن حجم نمونه، از آزمون‌های ناپارامتریک استفاده شد که تأییدکننده اثر معنی‌دار زمان بر

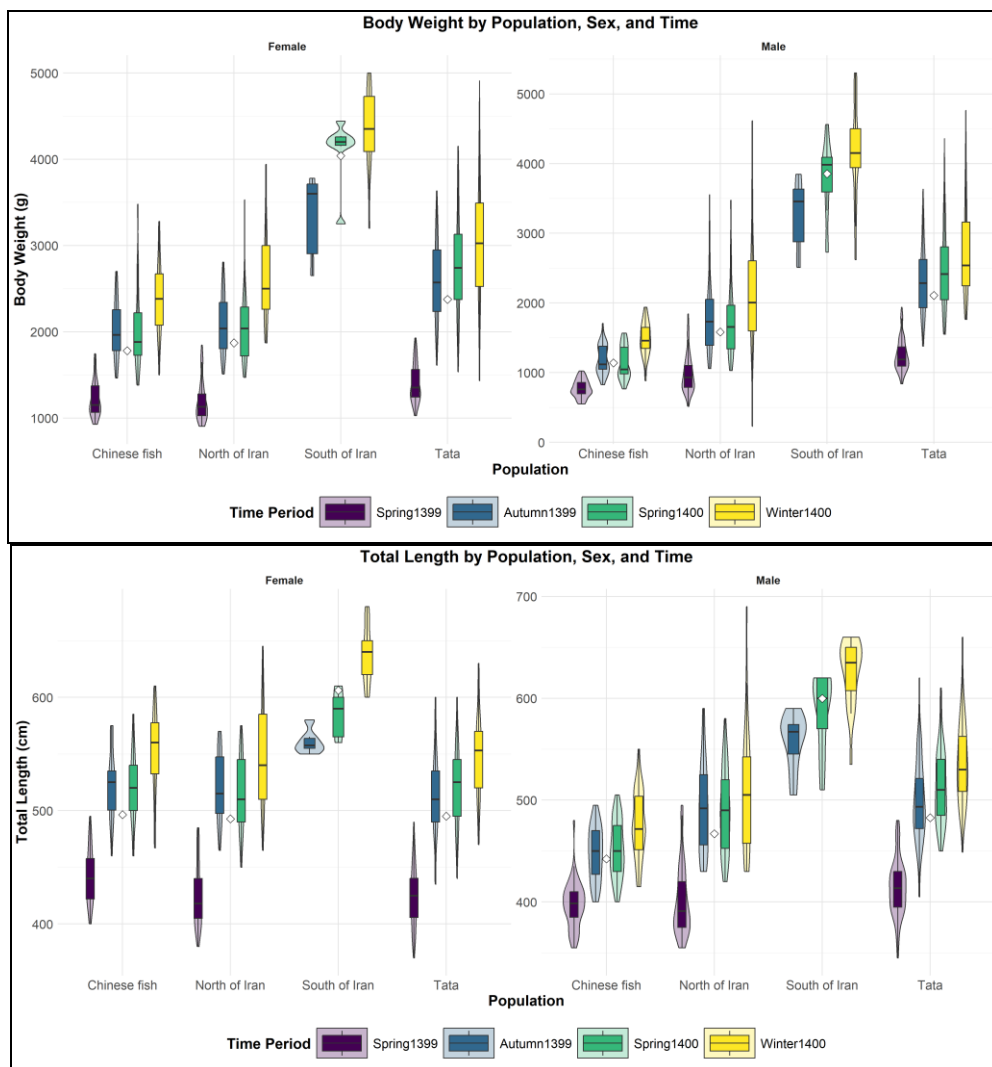
ایران، کپور تاتا در انتهای دوره بیشترین میانگین وزنی (شکل ۳ راست) و طولی و قطری (شکل ۴ و ۵) را از آن خود کرده است. در ابتدای دوره (بهار ۱۳۹۹) توزیع رشد وزنی افراد در هر سه جمعیت شمال، تاتا و چینی دارای کشیدگی است که دلیل آن انتخاب افراد برتر پس از یکسال پرورش است. در انتهای دوره پرورش (زمستان ۱۴۰۰) توزیع در جمعیت تاتا مجارستان و شمال ایران نرمال است و از کشیدگی و چولگی برخوردار نیست، اما در جمعیت‌های چینی و جنوب ایران کشیدگی و چولگی به یک طرف مشاهده می‌شود (شکل ۳ چپ). تفاوت معنی داری در ابتدای دوره در فصل بهار ۱۳۹۹ در شاخص‌های طول کل و طول استاندارد بین جمعیت‌ها وجود نداشت، اما با گذشت زمان اختلاف بین جمعیت‌ها مشهود بود. بیشترین ارتفاع بدن (شکل ۵) در همه فصول متعلق به کپور جنوب ایران است ($p < 0.05$) که با شکل بشقابی آن مطابقت دارد که نتیجه انتخاب چندین ساله تکثیرکنندگان این جمعیت‌ها در خوزستان با توجه به بازارپسندی آن است. پس از کپور جنوب ایران، کپور تاتا نیز دارای ارتفاع و قطر بیشتر بدن نسبت به دو جمعیت دیگر (شمال ایران و چینی) است ($p < 0.05$). همچنین کمترین واریانس ارتفاع بدن متعلق به کپور جنوب ایران و پس از آن تاتاست که با یکدست بودن ریخت این جمعیت‌ها مطابقت دارد (شکل ۵).

مقایسه آماره‌های توصیفی صفات وزن بدن با جنسیت

به منظور بررسی اثر جنسیت بر تفاوت‌های رشدی وزنی و طولی، وزن بدن (شکل ۶ بالا) و طول کل (شکل ۶ پایین) بین جنس‌های ماده و نر در هر جمعیت در هر فصل مقایسه شد. نتایج بیانگر آن بود که در تمامی اندازه‌گیری‌های بدنی، تفاوت بین میانگین اندازه در دو جنس نر و ماده مشاهده می‌شود و اندازه‌های بدنی در ماهیان ماده بزرگتر از ماهیان نر است. بیشترین تفاوت در وزن و طول بدن مشاهده گردید. این الگو در تمام جمعیت‌های مورد مطالعه تکرار شد. آزمون تعامل بین جنسیت و زمان نیز معنی دار بود که نشان‌دهنده الگوهای رشد متفاوت در دو جنس است ($p < 0.05$).

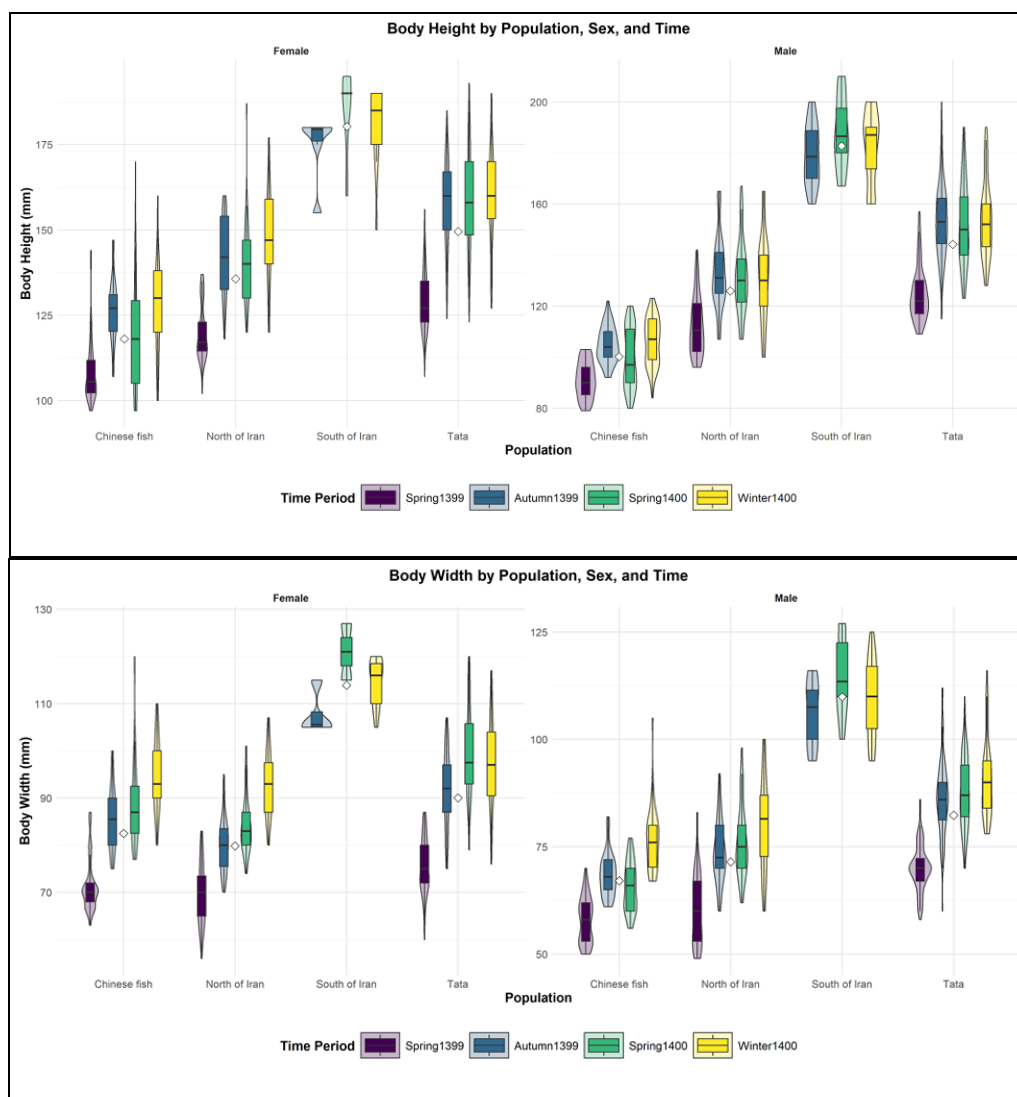
همچنین اثر جنسیت بر تفاوت‌های تغییرات ارتفاع و (شکل ۷ بالا) و قطر بدن (شکل ۷ پایین) بین جنس‌های ماده و نر در هر جمعیت در هر فصل مقایسه شد. میانگین مقادیر ارتفاع بدن و قطر بدن در همه زمان‌های نمونه برداری در جنس ماده بیشتر از نر بود اما این افزایش درون هر جمعیت معنی‌دار نبود ($p > 0.05$). رابطه بین طول کل و وزن در هر جمعیت در فصول مختلف در شکل ۸ نشان داده شده است. چنانچه در شکل ۸ مشخص است، ارتباط بین طول کل و وزن در سه جمعیت تاتا مجارستان، چینی و شمال ایران کاملاً مشهود است، اما در جمعیت بومی ایران، داده‌ها بیانگر پراکندگی هستند و کمترین ارتباط بین طول و وزن در این جمعیت مشاهده شد. مقایسه الگوی رشد در بازه زمانی دو ساله در شکل ۹ نشان داده شده است. همان‌طوری‌که در شکل ۹ مشخص است، میانگین وزن اولیه در اولین فصل در جمعیت تاتا بیشتر از دو جمعیت شمال ایران و چینی است و این روند تا انتهای دوره در زمستان ۱۴۰۰ ادامه دارد و روند رشد بهتری را در مقایسه با آنها دنبال می‌کند. الگوی رشد در جمعیت چینی و شمال ایران به هم شبیه است و حتی در فاصله پاییز ۱۳۹۹ لغایت بهار ۱۴۰۰ اندکی کاهشی است. جمعیت جنوب ایران با آن‌که هم سن سایر جمعیت‌ها بوده است اما چون در میانه مسیر به پروژه اضافه شد و مراحل اولیه رشد در مزرعه‌ای خصوصی هرچند با شرایط کشت مشابه انجام شده بود به دلیل بالاتر بودن وزن اولیه آن، الگوی رشد از بقیه جمعیت‌ها مشخص‌تر شد. ولی آنچه که مشخص است آن است که شیب رشد در این جمعیت بین پاییز ۱۳۹۹ لغایت بهار ۱۴۰۰ بسیار بیشتر از سه جمعیت دیگر است.

نتایج آزمون آماری بیانگر افزایش معنی‌دار وزن ($p < 0.05$) در هر بازه زمانی درون هر جمعیت است (شکل ۱۰). در جمعیت تاتا و جنوب ایران تفاوت افزایش وزن بین تمام زمان‌های نمونه‌برداری معنی‌دار است ($p < 0.05$). در جمعیت چینی و شمال ایران این افزایش وزن در بازه زمانی پاییز ۱۳۹۹ لغایت بهار ۱۴۰۰ معنی‌دار نیست ($p > 0.05$).

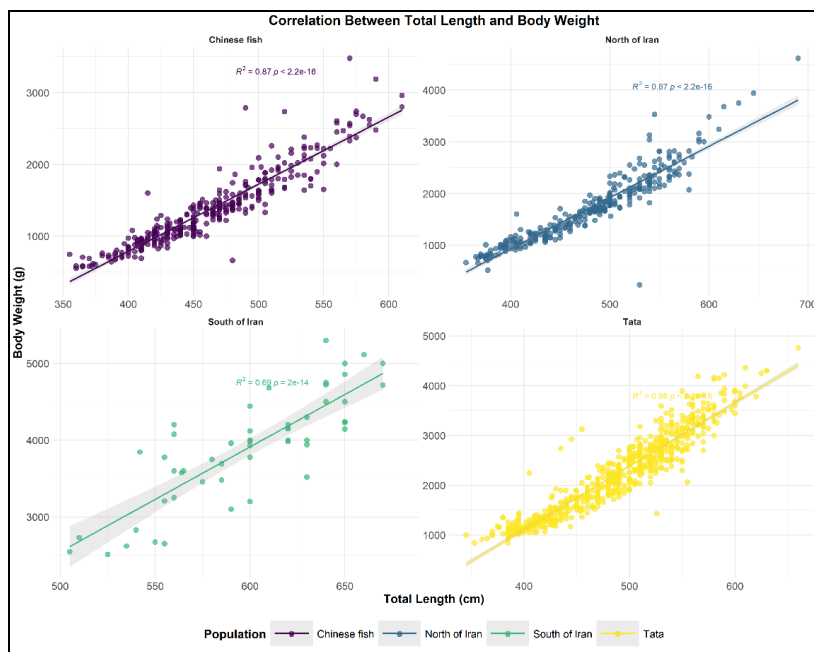


شکل ۶: مقایسه وزن بدن (بالا) و طول کل (پایین) در فصول مختلف در هر جمعیت بین جنس نر (سمت راست) و ماده (سمت چپ)

Figure 6: The comparison of body weight (up) and total length (down) in different season between male (right) and female (left) in each population

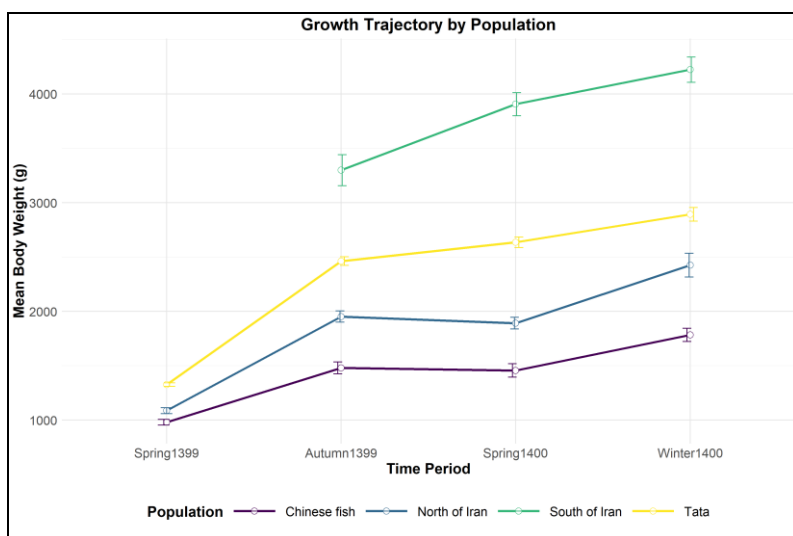


شکل ۷: مقایسه ارتفاع بدن (بالا) و قطر بدن (پایین) در فصول مختلف در هر جمعیت بین جنس نر (سمت راست) و ماده (سمت چپ)
 Figure 7: The comparison of body height (up) and body width (down) in different season between male (right) and female (left) in each population



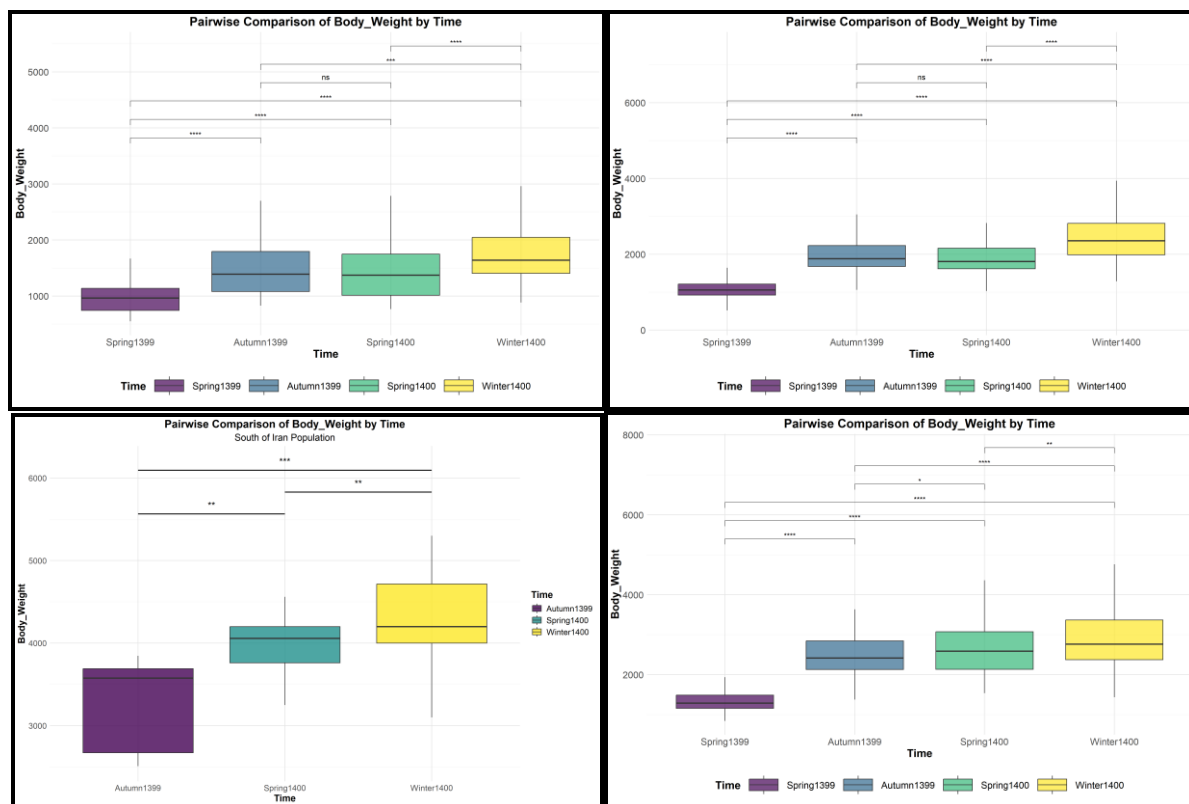
شکل ۸: ارتباط بین طول و وزن در هر جمعیت

Figure 8: The correlation between length and weight in each population



شکل ۹: مقایسه الگوی رشد وزنی بین جمعیت‌های مختلف در بازه زمانی دو ساله

Figure 9: The comparison of weight growth trend between population during two years



شکل ۱۰: مقایسه دوتایی افزایش وزن برای جمعیت چینی (بالا راست)، شمال ایران (بالا چپ)، جنوب ایران (پایین راست) و تاتا مجارستان (پایین چپ) در بازه زمانی دوساله

*بیانگر معنی داری افزایش وزن در هر بازه زمانی درون هر جمعیت است.

Figure 10: Pairwise comparison of weight gains for Chinese (top right), Northern Iranian (top left), Southern Iranian (bottom right) and Hungarian Tata (bottom left) populations over a two-year period

*Indicates the significance of weight gain in each time period within each population ($p < 0.05$).

بحث

را تشکیل دادند و با سایر جمعیت‌ها ارتباط خویشاوندی ندارد. کپور معمولی سازان (دریای کاسپی) در بانک ژن پژوهشکده جمع‌آوری شد اما بنا به استراتژی در نظر گرفته شده به دلیل کمبود اعتبارات و زیرساخت، این جمعیت وارد مرحله اصلاح نژاد نشد. هرچند این جمعیت به شدت وحشی بود و برای تکثیر و پرورش اهلی نشده بود، بنابراین داده‌های ریختی آن جمع‌آوری نشد و صرفاً به منظور تعیین تمایز و شناسنامه ژنتیکی جمعیت‌های پرورشی شمال و جنوب ایران این جمعیت در مطالعه این بخش گنجانده شد تا شباهت یا تفاوت ژنتیکی آن با جمعیت‌های پرورشی مشخص شود. تنوع نوکلئوتیدی یک شاخص مهم برای ارزیابی تنوع توالی DNA از یک گونه یا جمعیت است (Goodall-Copestake *et al.*, 2012). علاوه بر تنوع نوکلئوتیدی، هتروزیگوسیتی

نتایج حاصل از بررسی تنوع ژنتیکی ذخایر جمع‌آوری شده در بانک ژن کپور پژوهشکده آبی پروری جنوب کشور نشان داد که بین جمعیت‌های شمال، جنوب کشور و جمعیت تاتا، لایه‌بندی وجود ندارد و تشابه‌های ژنتیکی آنها بسیار زیاد است. تحلیل‌های مولفه‌های اصلی و خوشه‌ای نشان‌دهنده یکنواختی ژنتیکی میان این جمعیت‌ها بوده است. این یکنواختی ژنتیکی نشان‌دهنده این است که انتقال ژن‌ها بین این جمعیت‌ها رخ داده است یا این جمعیت‌ها تاریخچه مشترک تکاملی دارند. همچنین جمعیت‌های چینی و کاسپی از سایر مجموعه‌ها تفاوت ژنتیکی داشته‌اند به‌طوری که جمعیت چینی و کاسپی، خوشه‌های جداگانه‌ای

ظرفیت انتخابی آلل به محیط خاصی واقع در آن، وابسته است. جمعیت‌های مختلف در معرض فشارهای محیطی مختلف هستند و در نتیجه صفات انطباقی در هر یک ممکن است متفاوت باشد. اگر انتخاب بر جایگاه ژنی درون یک جمعیت، ولی نه در سایر جمعیت‌های وابسته دیگر اعمال شود، پس فراوانی آللی در آن جایگاه ژنی در میان جمعیت‌ها می‌تواند به طور معنی‌داری متفاوت باشد. این اصل پایه و اساس مجموعه‌ای از آزمون‌هاست که بر تمایز جمعیت برای تشخیص شواهدی از انتخاب تکیه می‌کند (Vitti et al., 2013).

هنگامی که جمعیت‌ها در مکان‌های جغرافیایی مختلف تحت فشارهای انتخاب متفاوتی قرار می‌گیرند، منجر به تغییر فراوانی آللی در جمعیت می‌شود درحالی‌که فراوانی آن در سایر جمعیت‌ها بدون تغییر باقی می‌ماند. نتیجه این حالت ایجاد تفرق در بین جمعیت‌ها در این مناطق ژنومی است. بنابراین، تفاوت نسبتاً زیاد در فراوانی بین جمعیت‌ها (برای خود آلل انتخابی یا جایگاه‌های اطراف آن) نیز می‌تواند به عنوان نشانه‌ای از انتخاب مثبت در جایگاه‌های ژنومی مربوطه محسوب شود. F_{ST} نشان‌دهنده درجه تمایز بین جمعیت در هر جایگاه است که از ارزش صفر (بدون تمایز) تا یک (تمایز کامل که هر جمعیت برای آلل متفاوتی تثبیت شده است)، متغیر است. این روش اطلاعات عدم تعادل پیوستگی بسیار قوی و نیز خطای نمونه‌گیری را در نظر نمی‌گیرد که این موارد سبب شد تا محققان به دنبال رفع این محدودیت‌ها باشند. به‌تازگی، استراتژی جدیدی برای ارزیابی تمایز هاپلوטיפ‌ها بین جمعیت‌ها پیشنهاد شده است که به این روش، تخمین گر ناریب F_{ST} (تتا) گفته می‌شود. ارزش‌های حاصل از این آماره نیز بین صفر تا یک متغیر است. این آماره برای در نظر گرفتن ناهمگنی اندازه جمعیت‌ها نیز مورد استفاده قرار می‌گیرد. انتخاب منفی یا متعادل تمایل به کاهش F_{ST} ، درحالی‌که انتخاب مثبت تمایل به افزایش F_{ST} دارد. انتظار می‌رود ژن‌های مسئول در تفاوت‌های فنوتیپی بین جمعیت‌ها، تفاوت فراوانی آللی بزرگی را نشان دهند (Bonhomme et al., 2010). پیش از این نیز مشخص شده است که تنوع ژنتیکی مشخص شده با نشانگر میتوکندریایی برای ژن‌های سیتوکروم

نیز نقشی کلیدی در تعیین تنوع جمعیت در یک گونه است (Sahoo et al., 2023). در این مطالعه، سطوح پایین هتروزیگوسیتی در جمعیت‌های اهلی شده مانند شمال و جنوب ایران و تاتا مشاهده می‌شود.

در این مطالعه، در جمعیت چینی بیشترین تنوع ژنتیکی، بیشترین درصد پلی‌مورفیسم (۱۹/۲۵ درصد)، بالاترین هتروزیگوسیتی مشاهده شده (۱۴/۲۰ درصد) و همچنین بیشترین Pi (۰/۳۱۰) نیز در این جمعیت دیده شد که نشانگر جمعیتی باز و با ساختار ژنتیکی متنوع است. همچنین جمعیت شمال ایران دارای بیشترین درصد پلی‌مورفیسم (۱۵/۳۳ درصد) بعد از جمعیت چینی بود، اما کمترین مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده شده و بالا بودن F_{IS} (۰/۶۵۲۶) نشان‌دهنده هم‌خونی بالا و تنوع پایین مشاهده شده در این جمعیت است. جمعیت کپور کاسپی، کمترین درصد پلی‌مورفیسم (۹/۷۵ درصد) را داشت، ولی هتروزیگوسیتی مشاهده شده در آن نسبتاً بالاست که ممکن است نشانه‌ای از جمعیتی با جفت‌گیری تصادفی و ساختار نسبتاً باز باشد. برخلاف نتایج مطالعه حاضر، در مطالعه‌ای که بر کپور کاسپی و سایر جمعیت‌های موجود در شمال ایران صورت گرفته است، همه جمعیت‌های وحشی سطح پایینی از هتروزیگوسیتی را نسبت به جمعیت‌های پرورشی نشان دادند (Jafari et al., 2022).

اما جمعیت‌های جنوب ایران و تاتا دارای تنوع متوسط هستند، اما با F_{IS} بالا و هتروزیگوسیتی مشاهده شده پایین که نشان‌دهنده ساختار جمعیتی بسته یا اثر درون‌آمیزی است. شکل بشقابی و پهن سه جمعیت شمال ایران و بومی خوزستان حاکی از تغییرات ریختی خواسته‌ای است که طی چندین دهه پرورش در کشور باتوجه به نیاز بازار، تکثیرکنندگان این جمعیت را در ایران ایجاد کرده‌اند. از آنجایی که منشأ کپورهای شمال ایران و بومی خوزستان با ورود اولین ذخایر آن برای پرورش از مجارستان بوده است، نزدیکی بیشتر الگوی ریختی در این جمعیت‌ها با جمعیت تاتای مجارستان بسیار زیاد است. چنانچه نتایج ژنتیکی نیز موید این موضوع است که شباهت‌های ژنتیکی بین جمعیت‌های ایرانی و مجاری وجود دارد.

دارند (سمپاتریک)، در مقایسه با جمعیت‌هایی که در مناطق جغرافیایی دور از شکارچیان هستند (آلوپاتریک) به طور قابل توجهی بزرگتر بوده است (Poléo *et al.*, 1995). همچنین تنوع در عمق نسبی بدن در میان جمعیت‌های سمپاتریک بیشتر از جمعیت‌های آلوپاتریک بود. تفاوت مشاهده شده در عمق نسبی بدن را به تغییرات ناشی از شکارچی در ریخت بدن، افزایش نرخ رشد در دریاچه‌های حاوی شکارچی به دلیل کاهش رقابت درون گونه‌ای و شکار انتخابی اندازه نسبت داده شد (Poléo *et al.*, 1995).

در مقایسه ویژگی‌های ریختی و رفتاری سویه وحشی ماهی کپور معمولی از دریاچه Biwa (ژاپن) با دو گونه اهلی شده (یک سویه تجاری و یک کوی زینتی) که در شرایط یکسان محیطی پرورش داده شده بودند، نمونه‌های وحشی بدنی ساده‌تر و کشیده‌تر داشتند و میزان مصرف طعمه با شنای آزاد در آنها بیشتر بود. همچنین دارای ترجیح بیشتر برای زیستگاه‌های پایین، دارای مهارت بیشتری در تشخیص طعمه و در مقایسه با ماهیان دو گونه اهلی شده، نسبت به حملات شکارچیان محتاط‌تر بودند. همچنین این خصوصیات بروز یافته در ماهی وحشی احتمالاً به دلیل سازگاری با محیط طبیعی بوده است (Matsuzaki *et al.*, 2009).

نژادهای مختلف کپور معمولی در کره جنوبی از نظر شکل بدن، طول بدن، وزن و بازماندگی بررسی شدند و مشخص شده است که ارتباط طول - وزن شاخصی ایجاد می‌کند که معمولاً به عنوان شاخص رشد در نظر گرفته می‌شود (Hwang *et al.*, 2016).

نتایج این مطالعه نشان داد که تفاوت‌های ژنتیکی بین جمعیت‌های مختلف کپور معمولی در ایران مشاهده می‌شود. این تفاوت‌ها به‌وضوح اهمیت حفظ تنوع ژنتیکی و ضرورت مطالعه بر جمعیت‌های متنوع از این گونه را بیان می‌کند. علاوه بر این، تغییرات مثبت در اندازه‌گیری‌های بدنی طی چهار دوره زمانی مورد نظر نشان‌دهنده توانایی افزایشی این جمعیت‌ها در رشد است. وجود تفاوت در پتانسیل رشد بین جمعیت‌ها به‌وضوح نشان‌دهنده تأثیرات ژنتیکی است. زمان و جنسیت نیز به عنوان عوامل مؤثر بر اندازه‌گیری‌های بدنی شناسایی شده‌اند و باید در برنامه‌های انتخابی و تکثیری مدنظر قرار گیرند.

اکسیداز II- و ترانسفر RNA لیزین (COII-tRNA^{Lys}) و دی‌لوپ در کپور معمولی با منشا کشور چین بیشتر از کپورهای معمولی مجارستانی است و تنوع کپورهای معمولی وحشی بالاتر از آن دسته از کپورهایی است که در هر دو کشور پرورشی و اهلی شده‌اند (Wang *et al.*, 2010).

این تفاوت ژنتیکی منشاء تفاوت‌های ریختی بین جمعیت‌هاست. چنانچه جمعیت‌های تاتا مجارستان، شمال ایران و بومی استان به شکل بسیار مشخصی از یک الگوی ریختی پیروی می‌کنند و همگی دارای ارتفاع بدن بالا و شکل بشقابی هستند. همچنین جمعیت کپورهای معمولی چینی بدنی کشیده‌تر با ارتفاع کمتری دارند. مشخص شده است که تغییرات شکل بدن در مراحل اولیه لاروی و بچه ماهی کپور معمولی سازان (کاسپی) به دلیل سازگاری با اولویت‌های زیستی آن بوده که با زیست‌شناسی، رفتار و اکولوژی آن منطبق است (Moshayedi *et al.*, 2016). افزایش عمق بدن را می‌توان با رشد اندام‌های داخلی و توانایی چرخش سریع و مانور دادن مرتبط دانست (Peña and Dumas, 2009). در طبیعت، کپور معمولی رودخانه‌های کم جریان و توده‌های آبی را کد مانند دریاچه را ترجیح می‌دهد که شکل عمیق‌تر بدن مطابق با آن است. همچنین رشد سر به‌ویژه در ناحیه دهانی و رشد دم (طول و عمق آن) در این دو مرحله می‌تواند انعکاس دهنده اولویت‌های زیستی آنها باشد که با عملکردهای حیاتی مانند تغذیه، بهبود توانایی شنا و دوری از شکارچیان مرتبط هستند (Osse and Van den Boogaart, 2004). این موضوع مشابه آنچه است که در مورد کپور چینی در این مطالعه دیده شد که بدنی کشیده‌تر با ارتفاع کمتر از ویژگی‌های بارز این جمعیت است. پیش از این مشخص شده است که شکل بدن ماهی کپور متأثر از محیطی است که در آن زندگی می‌کند. ریخت شناسی بدن ماهی کاراس (*Carassius carassius*) در دریاچه‌های دارای ماهی ماهیخوار یا بدون ماهی ماهیخوار نشان داده است که عموماً، اندازه ماهی کپور کاراس در دریاچه‌های دارای شکارچی بزرگتر از دریاچه‌های بدون شکارچی بوده است. نسبت عمق به طول کل بدن (عمق نسبی) کپور کاراس در جمعیت‌هایی که با شکارچیان مناطق جغرافیایی یکسان یا همپوشانی

این گونه تحت تاثیر عوامل ژنتیکی قرار دارند و پتانسیل بهبود از طریق انتخاب وجود دارد.

وزن و طول صفاتی هستند که از نظر ژنتیکی و فنوتیپی همبستگی دارند (Vandeputte et al., 2008; Navarro et al., 2009)، مطابق با نتایج مطالعه حاضر که این ویژگی‌ها در هر جمعیت تاتا مجارستان، شمال و جنوب ایران و چینی متفاوت از دیگری بود. وراثت‌پذیری صفات نشان می‌دهند که هر یک از این صفات برای فرایند انتخاب در اصلاح نژاد مفید است هر چند طول مناسب‌تر است، زیرا در شرایط مزرعه‌ای آسان‌تر اندازه‌گیری می‌شود و ضریب تغییرات آن نسبت به وزن کمتر و قابل تکرارتر است.

نتایج به‌دست آمده از این مطالعه برای توسعه برنامه‌های انتخاب ژنتیکی در کپور معمولی مناسب است و امکان بهره‌برداری از ظرفیت‌های ژنتیکی این گونه را بیشتر می‌کند. این تحقیقات می‌تواند نقطه پایانی برای پژوهش‌های آتی و اعمال کاربردی در حوزه‌های مختلف آبی‌پروری باشد. پیشنهاد می‌شود، توجه به حفظ و افزایش تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مختلف کپور معمولی از اولویت‌های برنامه‌های آبی‌پروری باشد. این تنوع از اهمیت ویژه‌ای از نظر مقاومت در برابر بیماری‌ها و شرایط محیطی مختلف و بهره‌برداری از پتانسیل‌های اصلاحی نیز برخوردار است. همچنین با توجه به تأثیر جنسیت بر اندازه‌گیری‌های بدنی، در برنامه‌های اصلاحی باید از این عامل به عنوان یک متغیر مهم در نظر گرفته شود. در نهایت، با توجه به تفاوت‌های مشهود بین جمعیت‌ها، باید برنامه‌های انتخاب ژنتیکی را با رویکرد بهینه‌سازی و استفاده از تنوع ژنتیکی موجود گسترش داد و از ویژگی‌های ریختی هر جمعیت با توجه به نیاز بازار پیش رفت.

تشکر و قدردانی

بدین‌وسیله از استانداری خوزستان، معاونت علمی، فناوری و اقتصاد دانش بنیان ریاست جمهوری و موسسه تحقیقات شیلات ایران برای حمایت مالی از طرح اصلاح نژاد ماهی کپور معمولی صمیمانه تشکر و قدردانی می‌گردد. این مطالعه بخشی از پروژه با شماره ۹۸۱۲۳۵-۹۸۰۴۳-۹۸۰۳۳-۱۲-۷۴-۱۲۴ است.

نتایج مطالعه‌ای که با هدف بررسی شاخص‌های ژنتیکی و اثرات هتروزیس بر صفات رشد و بقاء سه نژاد مختلف ماهی کپور معمولی انجام شد، بیانگر آن بود که ضرایب همبستگی ژنتیکی بالایی بین صفات مرتبط با رشد وجود دارد. وراثت‌پذیری این صفات در سطح متوسط تا بالا برآورد گردید که بیانگر کنترل ژنتیکی قابل‌توجهی بر صفات رشد است. همچنین اثرات هتروزیس مثبت و معنی‌داری بر صفات رشد مشاهده شد که نشان‌دهنده پتانسیل بالای بهبود از طریق اصلاح نژاد است. در مجموع، یافته‌ها حاکی از کنترل ژنتیکی قوی بر صفات رشد در کپور معمولی بود (Nielsen et al., 2010). نتایج حاصل از این تحقیق نیز بیانگر تاثیر مهم شاخص‌های ژنتیکی بر صفات رشد است، چنانچه به‌جز جمعیت جنوب ایران که اطلاعات اولیه آن در دسترس نبود، جمعیت تاتا مجارستان از رشد بهتری در مقایسه با سایر جمعیت‌ها برخوردار است. شیب رشد در جمعیت جنوب ایران، طی پاییز ۱۳۹۹ لغایت بهار ۱۴۰۰ بسیار بیشتر از سه جمعیت دیگر است. شاید سازگاری به شرایط آب و هوایی جنوب کشور پس از چندین سال باعث ایجاد تفاوت در آن شده است. همچنین روند رشد در جمعیت تاتا بیشتر از دو جمعیت شمال ایران و چینی است که احتمالاً با سابقه انجام به‌گزینی بر این جمعیت در مجارستان بی‌ارتباط نیست. در مطالعه سال ۲۰۱۵ که با هدف بررسی شاخص‌های ژنتیکی صفات رشد و بقاء در ماهی روهو انجام شد، نتایج نشان داد که ضرایب همبستگی ژنتیکی بالایی بین صفات مرتبط با رشد شامل وزن و طول بدن وجود دارد. وراثت‌پذیری تخمین زده شده برای این صفات در محدوده ۰/۳۲-۰/۱۱ بود که نشان‌دهنده کنترل ژنتیکی متوسطی بر صفات رشد در این گونه است. وراثت‌پذیری بقاء نیز ۰/۰۶ برآورد شد که پایین‌تر از صفت رشد بود. در مجموع، نتایج این مطالعه نشان داد که صفت رشد در ماهی روهو تحت تاثیر عوامل ژنتیکی قرار دارند و از قابلیت بهبود ژنتیکی برخوردار است (Gjerde et al., 2019). بنابراین، نتایج حاصل از تجزیه واریانس در این مطالعه، همسو با سایر تحقیقات در خصوص وراثت‌پذیری متوسط تا بالا برای صفات مربوط به رشد در کپور معمولی است. در مجموع، مقایسه نتایج نشان داد که صفات رشد در

منابع

- israeli carp (*Cyprinus carpio*) to different breeding combination. *Development & Reproduction*, 20(4):275-281. DOI:10.12717/DR.2016.20.4.275
- Jafari, O., Zeinalabedini, M., Robledo, D., Fernandes, J.M., Hedayati, A.-A. and Arefnezhad, B., 2022.** Genotyping-by-sequencing reveals the impact of restocking on wild common carp populations of the Southern Caspian Basin. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 10:872176. DOI:10.3389/fevo.2022.872176
- Kirpichnikov, V., 1967.** Homologous hereditary variation and evolution of wild common carp *Cyprinus carpio* L. *Genetika*, 8:65-72.
- Li, H., 2013.** Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM. arXiv preprint arXiv:1303.3997. URL: <https://arxiv.org/abs/1303.3997>
- Matsuzaki, S.S., Mabuchi, K., Takamura, N., Nishida, M. and Washitani, I., 2009.** Behavioural and morphological differences between feral and domesticated strains of common carp *Cyprinus carpio*. *Journal of Fish Biology*, 75(6):1206-1220. DOI:10.1111/j.1095-8649.2009.02345.x
- Moshayedi, F., Eagderi, S. and Iri, M., 2016.** Body shape change in common carp, *Cyprinus carpio* var. Sazan, during early development using geometric morphometric method. *Iranian Journal of Ichthyology*, 3(3):210-217. doi:10.22034/iji.v3i3.199
- Navarro, A., Zamorano, M.J., Hildebrandt, S., Ginés, R., Aguilera, C. and Afonso, J.M., 2009.** Estimates of heritabilities and genetic correlations for growth and carcass traits in gilthead seabream (*Sparus auratus* L.), under industrial conditions. *Aquaculture*, 289(3):225-230. DOI:10.1016/j.aquaculture.2008.12.024
- Andrews, S., 2010.** FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data, In: Babraham Bioinformatics, Cambridge, United Kingdom. Version 0.12.0. Available at: <https://github.com/s-andrews/FastQC> (accessed Mar 1, 2023)
- Bolger, A.M., Lohse, M. and Usadel, B., 2014.** Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, 30(15):2114-2120. DOI:10.1093/bioinformatics/btu170
- Bonhomme, M., Chevalet, C., Servin, B., Boitard, S., Abdallah, J., Blott, S. and Sancristobal, M., 2010.** Detecting selection in population trees: the Lewontin and Krakauer test extended. *Genetics*, 186(1):241-62. DOI:10.1534/genetics.104.117275
- Chen, L., Xu, J., Sun, X. and Xu, P., 2022.** Research advances and future perspectives of genomics and genetic improvement in allotetraploid common carp. *Reviews in Aquaculture*, 14(2):957-978. DOI:10.1111/raq.12636
- Gjerde, B., Mahapatra, K.D., Reddy, P.V.G.K., Saha, J.N., Jana, R.K., Meher, P.K., Sahoo, M., Khaw, H.L., Gjerdem, T. and Rye, M., 2019.** Genetic parameters for growth and survival in rohu carp (*Labeo rohita*). *Aquaculture*, 503:381-388. DOI:10.1016/j.aquaculture.2019.01.029
- Goodall-Copestake, W.P., Tarling, G.A. and Murphy, E.J., 2012.** On the comparison of population-level estimates of haplotype and nucleotide diversity: a case study using the gene cox1 in animals. *Heredity*, 109(1):50-56. DOI:10.1038/hdy.2012.12
- Hwang, J.A., Goo, I.B., Kim, J.E., Kim, M.H., Kim, D.H., Im, J.H., Choi, H.-S. and Lee, J.H., 2016.** Growth comparison of

- Nedoluzhko, A.V., Gladysheva-Azgari, M.V., Shalgimbayeva, G.M., Volkov, A.A., Slobodova, N.V., Tsygankova, S.V., Boulygina, E.S., Nguyen, V.Q., Pham, T.T., Nguyen, D.T., Sharko, F.S. and Rastorguev, S.M., 2021.** Genetic contribution of domestic European common carp (*Cyprinus carpio carpio*) and Amur carp (*Cyprinus carpio haematopterus*) to the wild Vietnamese carp population as revealed by ddRAD sequencing. *Aquaculture*, 544:737049. DOI:10.1016/j.aquaculture.2021.737049
- Nielsen, H.M., Ødegård, J., Olesen, I., Gjerde, B., Ardo, L., Jeney, G. and Jeney, Z., 2010.** Genetic analysis of common carp (*Cyprinus carpio*) strains . I: Genetic parameters and heterosis for growth traits and survival. *Aquaculture*, 304:14-21. DOI:10.1016/j.aquaculture.2010.03.016
- Osse, J. and Van den Boogaart, J., 2004.** Allometric growth in fish larvae: timing and function. In: Govoni, J.J. (ed.) The development of form and function in fishes and the question of larval adaptation. 1 edn, American Fisheries Society. Maryland, USA. pp. 167-194.
- Peña, R. and Dumas, S., 2009.** Development and allometric growth patterns during early larval stages of the spotted sand bass *Paralabrax maculatofasciatus* (Percoidei: Serranidae). *Scientia Marina*, 73(S1):183-189. DOI:10.3989/scimar.2009.73s1183
- Poléo, A.B.S., Osxnevad, S.A., Össtbye, K., Heibo, E., Andersen, R.A. and Vøllestad, L.A., 1995.** Body morphology of crucian carp *Carassius carassius* in lakes with or without piscivorous fish. *Ecography*, 18(3):225-229. DOI:10.1111/j.1600-0587.1995.tb00125.x
- Sabeti, P.C., Schaffner, S.F., Fry, B., Lohmueller, J., Varilly, P., Shamovsky, O., Palma, A., Mikkelsen, T.S., Altshuler, D. and Lander, E.S., 2006.** Positive natural selection in the human lineage. *Science*, 312(5780):1614-20. DOI:10.1126/science.1124309
- Sahoo, B., Das, G., Nandanpawar, P., Priyadarshini, N., Sahoo, L., Meher, P.K., Udit, U.K., Sundaray, J.K. and Das, P., 2023.** Genetic diversity and genome-scale population structure of wild Indian major carp, *Labeo catla* (Hamilton, 1822), revealed by genotyping-by-sequencing. *Frontiers in Genetics*, 14, 1166385. DOI:10.3389/fgene.2023.1166385
- Vandeputte, M., Kocour, M., Mauger, S., Rodina, M., Launay, A., Gela, D., Dupont-Nivet, M., Hulak, M. and Linhart, O., 2008.** Genetic variation for growth at one and two summers of age in the common carp (*Cyprinus carpio* L.): Heritability estimates and response to selection. *Aquaculture*, 277(1):7-13. DOI:10.1016/j.aquaculture.2008.02.009
- Vitti, J.J., Grossman, S.R. and Sabeti, P.C., 2013.** Detecting natural selection in genomic data. *Annual Review of Genetics*, 47:97-120. DOI:10.1146/annurev-genet-111212-133526
- Wang, C., Li, S., Nagy, Z.T., Lehoczky, I., Huang, L., Zhao, Y., Song, X. and Jeney, Z., 2010.** Molecular genetic structure and relationship of Chinese and Hungarian common carp (*Cyprinus carpio* L.) strains based on mitochondrial sequence. *Aquaculture Research*, 41(9):1339-1347. DOI:10.1111/j.1365-2109.2009.02422.x
- Xu, P., Jiang, Y., Xu, J., Li, J. and Sun, X., 2016.** 10 - Genomics in the common carp. In: MacKenzie, S. and Jentoft, S. (eds.). Genomics in Aquaculture. 1 edn, Academic Press, San Diego, USA. pp. 247-274. DOI:10.1016/B978-0-12-801418-9.00010-X