کاربرد پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی (SNP) به عنوان یک نشانگر مولکولی در بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های آبزیان

علیرضا رادخواه[۱*]، اسماعیل صادقی‌نژاد ماسوله[۲]

* alirezaradkhah@ut.ac.ir

۱-گروه شیلات، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران
۲-پژوهشکده آبزی پروری آبهای داخلی، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، بندرانزلی، ایران

تاریخ دریافت: دی ۱۳۹۷ تاریخ پذیرش: اردیبهشت ۱۳۹۸

چکیده

تنوع ژنتیکی یکی از ویژگی‌های مهم و ضروری هر جمعیت برای بقای آن می‌باشد. مطالعه تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مختلف آبزیان به منظور حفاظت، پایداری و مدیریت ذخایر آنها از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. براساس مطالعات انجام شده در سال‌های گذشته، نشانگرهای مولکولی ثابت کرده‌اند که می‌توانند به‌عنوان شاخص‌های مؤثر در بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های آبزیان استفاده شوند. از اینرو لزوم بررسی تغییرات ژنتیکی در گونه‌های مختلف آبزی باعث شده است تا نشانگرهای مولکولی به طور گسترده در بسیاری از مطالعات اکولوژیکی مورد استفاده قرار گیرند. مطالعه حاضر به‌منظور بررسی نقش نشانگرهای مولکولی به ویژه پلی‌مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی (SNP) در مطالعه تنوع ژنتیکی آبزیان صورت گرفته است. یافته‌های ارائه شده می‌توانند جهت حفاظت و مدیریت پایدار ذخایر آبزیان در علوم شیلات و آبزی‌پروری بسیار ارزشمند باشند.

کلمات کلیدی: نشانگر مولکولی، SNP، پلی‌مورفیسم، تنوع ژنتیکی، آبزیان.

[Downloaded from ornamentalaquatics.ir on 2026-11-03]

[DOR: 20.1001.1.24234575.1398.6.2.5.7]

مقدمه

نیازهای حفاظتی آبزیان در مقیاس‌های گوناگون نسبت به موجودات خشکی و به ویژه در مقایسه با گونه‌های دیگر از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. دستورالعمل‌های مدیریت جمعیت که برای آبزیان مورد استفاده قرار می‌گیرند، در قالب گزارش‌های مدون ارائه می‌شوند. این گزارش‌ها که با هدف بررسی برخی از برنامه‌های اصلی که برای تصمیم‌گیری‌های حفاظتی در جمعیت‌های آبزیان اعمال می‌شوند، شامل تعیین ساختار، تغییرات و تنوع ژنتیکی در جمعیت هستند (Primmer, 2005).

تنوع ژنتیکی در بین گونه‌ها (بین جمعیت‌ها و در میان افراد جمعیت) به‌عنوان بخشی از تنوع زیستی، نتیجه تفاوت در سطوح مختلف (نوکلئوتید، ژن، کروموزوم و ژنوم) است (Dudu *et al*., 2015). این مشخصه یکی از ویژگی‌های ضروری هر جمعیت برای بقای آن می‌باشد و امکان سازگاری آن با شرایط محیطی را فراهم می‌کند. به عبارت دیگر، تنوع ژنتیکی در یک گونه، توانایی ارگانیسم برای انطباق با محیط را تغییر می‌دهد و برای بقاء گونه ضروری است. در واقع کاهش تنوع ژنتیکی، توانایی گونه برای سازگاری را کاهش و خطر انقراض آن را افزایش می‌دهد (Frankham, 1995; Mukhopadhyay and Bhattacharjee, 2014). از طرف دیگر، تنوع ژنتیکی که در بین افراد ایجاد می‌شود، می‌تواند منجر به تمایز در سطح جمعیت، گونه‌ها و گروه‌های بالاتر شود (Chauhan and Rajiv, 2010). بنابراین، شناسایی و بررسی تغییرات ژنتیکی در یک جمعیت به علت اثرات شدید و طولانی مدت در آن، بسیار ضروری به نظر می‌رسد (Çiftci and Okumus, 2002).

اطلاعات حاصل از مطالعه تنوع ژنتیکی در تکامل، حفاظت، مدیریت منابع طبیعی، برنامه‌های بهبود ژنتیکی و غیره کاربرد گسترده‌ای دارند. در گذشته، بررسی تنوع ژنتیکی در جمعیت-های مختلف با استفاده از داده‌های ریختی و فنوتیپی صورت می‌گرفت که با پیشرفت علم ژنتیک استفاده از نشانگرهای مولکولی جایگزین روش‌های سنتی شد. البته روش‌های سنتی نیز بسیار زمان‌بر بودند و در مجموع کارایی لازم را نداشتند. اما انجام پژوهش‌های مختلف نشان داد که نشانگرهای مولکولی ابزارهای قدرتمندی برای مطالعه تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها می‌باشند (شازده‌احمدی و خرازی، ۱۳۹۴). این نشانگرها به همراه نرم‌افزارهای آماری جدید موجب تحول در قدرت تجزیه و تحلیل برای کشف تنوع ژنتیکی شده‌اند (Chauhan and Rajiv, 2010). نشانگرهای مولکولی که در مطالعات مختلف ژنتیک جمعیت مورد استفاده قرار می‌گیرند، به علت دقت بالا و همچنین سهولت در تعیین ژنوتیپ کاربرد گسترده‌ای دارند (Chen *et al*., 2008؛ سلیمانی و همکاران، ۱۳۹۳). از اینرو، توسعه این نشانگرهای ژنتیکی قدرتمند برای تشخیص تغییرات ژنتیکی در افراد، جمعیت‌ها و گونه‌ها ضروری است.

نشانگرهای مولکولی ثابت کرده‌اند که می‌توانند به عنوان شاخص‌های مؤثر در بررسی تنوع ژنتیکی در بین جمعیت‌های آبزیان مورد استفاده قرار گیرند. در واقع این نشانگرها به عنوان سیستم‌های کدومی و بسیار پلی‌مورفیک شناخته می‌شوند و برای ارزیابی تنوع ژنتیکی در گونه‌های مختلف آبزی می‌توانند مورد استفاده قرار گیرند (Powell *et al*., 1996; Li *et al*., 2017). با توجه به اهمیت نشانگرهای مولکولی، مطالعه حاضر با هدف بررسی کاربرد نشانگر SNP در تنوع ژنتیکی جمعیت‌های آبزیان انجام گرفته است. در این پژوهش سعی شده است تا تحقیقاتی که تاکنون پیرامون این موضوع صورت گرفته مورد بررسی قرار گیرد.

نشانگرهای مولکولی

نشانگرهای مولکولی به منظور کسب اطلاعات در مورد ژنتیکِ صفات استفاده می‌شوند. این نشانگرها به تجزیه و تحلیل ژنوم در تمام گونه‌های آبزیان از جمله ماهیان، تکامل بخشیده‌اند (Maqsood and Ahmad, 2017). نقش نشانگرهای مولکولی در تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک بسیار شناخته شده است و ابعاد جدیدی را برای نظریات تکاملی در تحقیقات گیاهی و جانوری به ارمغان می‌آورد (Khan, 2015). لزوم بررسی تغییرات ژنتیکی در گونه‌های مختلف آبزی باعث شده است تا نشانگرهای مولکولی به طور گسترده در بسیاری از مطالعات اکولوژیکی مورد استفاده قرار گیرند. البته لازم به ذکر است که یک نشانگر مولکولی ایده‌آل نیز باید حداقل برخی از ویژگی‌های زیر را داشته باشد، تا بتواند به عنوان ابزاری مفید در مطالعات ژنتیکی مورد استفاده قرار گیرد:

۱- نشانگر باید چندآللی (multi-allelic) باشد، ۲- باید به راحتی در دسترس باشد، ۳- باید به آسانی قابلیت آزمایش

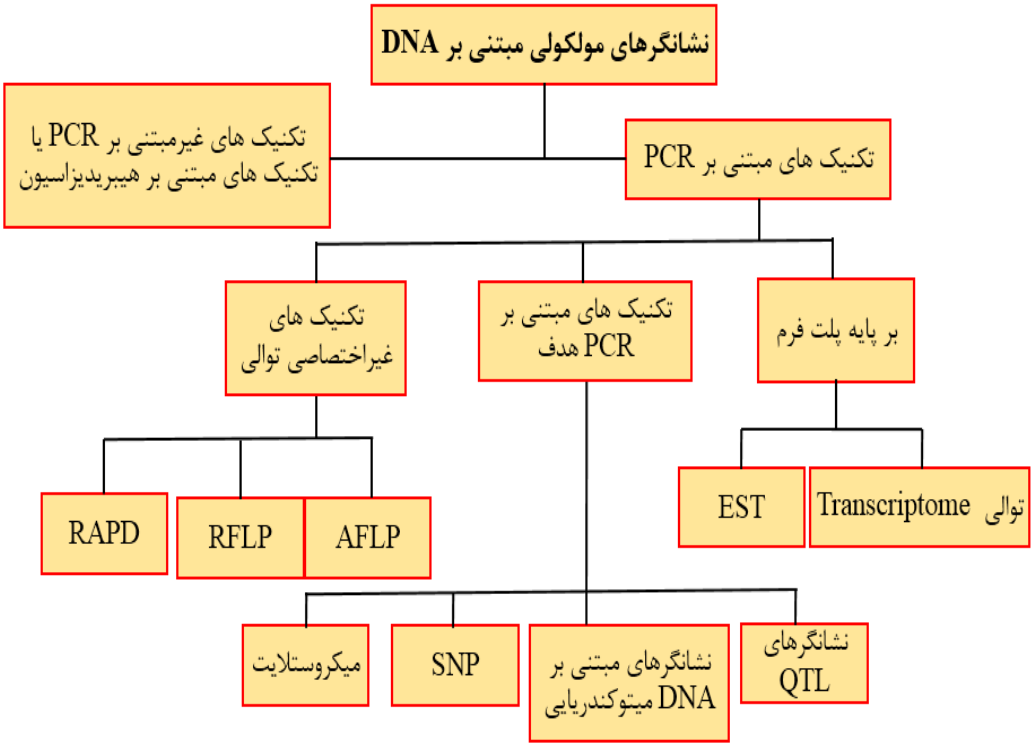
[Downloaded from ornamentalaquatics.ir on 2026-11-03]

[DOR: 20.1001.1.24234575.1398.6.2.5.7]

داشته باشد، ۴- باید تاریخ مصرف نداشته باشد، ۵- باید بسیار قابل تکرار و قابل تجدید باشد، ۶- باید از لحاظ فنوتیپی خنثی باشد، ۷- باید پلی‌مورفیسم را نشان دهد (Khan, 2015).

انواع نشانگرهای مولکولی

Khan (۲۰۱۵) اظهار نمود که نشانگرهای مولکولی مختلف که طی دو دهه گذشته در دسترس قرار گرفتند، می‌توانند به سه دسته تقسیم شوند: ۱- نشانگرهای مولکولی نسل اول، مانند RFLP[۱]، RAPD[۲] و فرم‌های اصلاح شده آن‌ها، ۲- نشانگرهای مولکولی نسل دوم شامل SSR[۳]، AFLP[۴] و فرم‌های اصلاح شده آن‌ها، ۳- نشانگرهای مولکولی نسل سوم که از جمله آنها می‌توان به EST[۵] و پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی[۶] (SNP) اشاره کرد. در شکل ۱ نمودار شماتیکی از انواع نشانگرهای مولکولی که در علوم آبزی‌پروری و شیلات مورد استفاده قرار می‌گیرند، ارائه شده است.



شکل ۱: انواع نشانگرهای مولکولی قابل استفاده در علوم شیلات و آبزی‌پروری (Maqsood and Ahmad, 2017)

[۱] Restriction Fragment Length Polymorphism
[۲] Random Amplification of Polymorphic DNA
[۳] Simple Sequence Repeats
[۴] Amplified Fragment Length Polymorphism
[۵] expressed sequence tags
[۶] Single Nucleotide Polymorphism

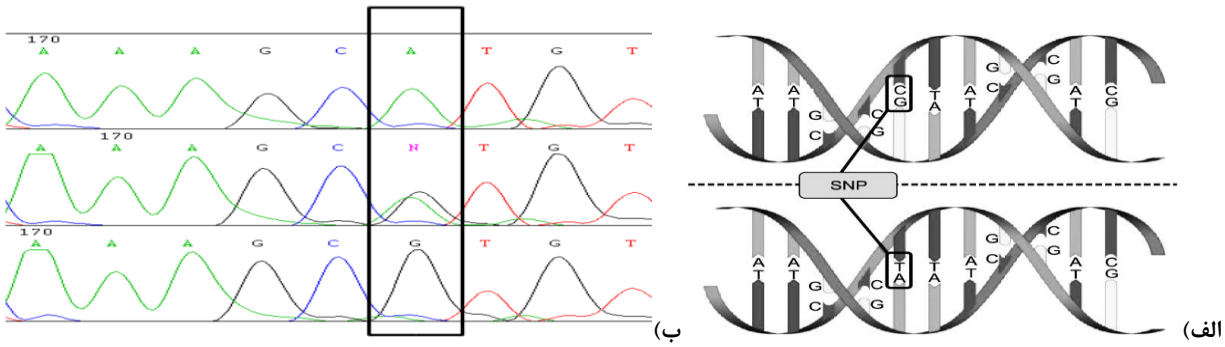
[Downloaded from ornamentalaquatics.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24234575.1398.6.2.5.7]

پلی‌مورفیسم تک‌نوکلئوتیدی

پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی (SNP)، مربوط به تغییرات در توالی ژنتیکی است که تنها در یک بخش از مولکول DNA اتفاق می‌افتد. SNP تنها یکی از بلوک‌های اصلی ساختمان-آدنین (A)، گوانین (G)، تیمین (T) یا سیتوزین (C) را تحت تاثیر قرار می‌دهد و در بیش از یک درصد از جمعیت رخ می‌دهد (Berger *et al*., 2001; Encyclopaedia Britannica, 2018). در یک جمعیت، SNP ها می‌توانند فراوانی آللی جزئی ایجاد کنند که کمترین فراوانی آللی در یک لوکوس در یک جمعیت خاص می‌باشد. البته باید اشاره کرد که تغییرات بین جمعیت‌های مختلف نیز وجود دارد، به طوری که یک آلل SNP که در یک گروه جغرافیایی یا قومی مشترک وجود دارد، ممکن است در سایرین بسیار نادر باشد (ISOGG, 2018). در شکل ۲ نمای شماتیکی از توالی‌های DNA ارائه شده است که نشانگر وجود پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی است.

SNP ها یکی از شایع‌ترین شکل‌های پلی‌مورفیسم می‌باشند. آن‌ها برای شناسایی پلی‌مورفیسم‌های خاص آلل استفاده می‌شوند. تغییرات در توالی‌های DNA می‌تواند بر سلامت موجود تاثیر بگذارد و به پاتوژن‌ها، مواد شیمیایی، داروها، واکسن‌ها و عوامل دیگر پاسخ دهد. مهمترین اهمیت SNP در تحقیقات بیومدیکال، و برنامه‌های اصلاح نژاد می‌باشد (BioTechnology Notes, 2018; GHR, 2018). اگر چه یک SNP خاص ممکن است باعث اختلال نباشد، اما برخی با بیماری‌های خاص مرتبط هستند. امروزه انجمن‌های ویژه‌ای در سطح جهان وجود دارند که به دانشمندان اجازه می‌دهند تا SNP ها را به منظور ارزیابی شرایط ژنتیکی برای ایجاد بیماری‌ها مورد بررسی قرار دهند. علاوه بر این، اگر مشخص شود که SNP ها با یک صفت مرتبط هستند، دانشمندان می‌توانند قطعات DNA در نزدیکی این SNP ها را در جهت شناسایی ژن یا ژن هایی که مسئول این صفات هستند، شناسایی کنند (Li *et al*., 2010; GHR, 2018; SNE, 2018).

SNP ها به طور گسترده در ژنوم گونه‌های مختلف گیاهی و جانوری وجود دارند. گذشت زمان نشان داده است همچنان که کاربرد آنالیزهای ژنتیکی افزایش می‌یابد، SNP ها هم با شتاب زیاد مورد استفاده قرار گرفته‌اند (سبزواری و همکاران، ۱۳۹۴). این نشانگرها به سرعت در حال تبدیل شدن به یک ابزار قدرتمند برای ارزیابی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مختلف آبزی هستند. با گذشت زمان، فنآوری‌های تشخیص SNP از شیوه‌های فشرده، وقت‌گیر و فرآیندهای گران قیمت به برخی از روش‌های بسیار کارآمد و نسبتاً ارزان قیمت تکامل یافته‌اند. بنابراین، این نشانگر می‌تواند در طیف گسترده‌ای از مطالعات جمعیتی، از شناسایی فردی تا بررسی ساختار جمعیت و تاکسونومی مورد استفاده قرار گیرد (Glaubitz *et al*., 2003; Smith *et al*., 2004; Morin *et al*., 2007).



شکل ۲: الف- نمایی از پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی (Doo and Kim, 2015). ب- کشف SNP بوسیله هم‌ترازسازی[۱] توالی‌های بدست آمده (Vignal *et al*., 2002).

[۱] alignment

[Downloaded from ornamentalaquatics.ir on 2026-11-03]

[DOR: 20.1001.1.24234575.1398.6.2.5.7]

در جدول ۱ الزامات و ویژگی‌های تکنیکی مهم‌ترین نشانگرهای مولکولی استفاده شده در علوم شیلات و آبزی‌پروری با یکدیگر مقایسه شده است. بررسی اجمالی این جدول نشان می‌دهد که نشانگرهای SNP به دلیل قابلیت‌ها و ویژگی‌های مهمی که دارند از اهمیت ویژه‌ای در مطالعات ژنتیکی برخوردار هستند.

جدول ۱: الزامات و ویژگی‌های تکنیکی مهم‌ترین نشانگرهای مولکولی استفاده شده در علوم شیلات و آبزی‌پروری (Vignal *et al.*, 2002).

	الزامات					ویژگی‌ها			
نشانگر مولکولی	آنزیم‌های محدود کننده	PCR	ژل	پرایمرهای ویژه	تلاش توسعه	تلاش ژنوتایپینگ	تکرار پذیری	دقت
RFLP	+	–	+	–	بالا	بالا	بالا	خیلی بالا
PCR-RFLP	+	+	+	+	بالا	متوسط	بالا	خیلی بالا
RAPD	–	+	+	–	خیلی کم	خیلی کم	کم	خیلی کم
AFLP	+	+	+	–	کم	خیلی کم	بالا	متوسط
SSCP	–	+	+	+	متوسط	متوسط	متوسط	متوسط
میکروستلایت	–	+	+	+	بالا	کم	بالا	بالا
SNP	–	+	+	+	بالا	متغیر	بالا	خیلی بالا

کاربرد پلی‌مورفیسم تک‌نوکلئوتیدی

بر اساس تحقیقات انجام شده، نشانگرهای SNP برای مطالعه ژنتیکی بسیاری از گونه‌های آبزی مناسب هستند. تشخیص پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی (SNP) به‌منظور بررسی پلی‌مورفیسم‌های جدید و برای تعیین آلل‌های پلی‌مورفیسم در توالی‌های هدف مورد استفاده قرار می‌گیرد. به‌عنوان مثال، وقوع پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی (SNP) در ماهی سالمون چینوک (*Oncorhynchus tshawytscha*) به‌طور تقریبی یک بار در هر ۳۰۰ جفت باز رخ می‌دهد (Smith *et al.*, 2005).

با توجه به گزارشات به‌دست آمده، SNP ها به‌عنوان یک منبع ژنومیکی مانند نقشه پیوستگی ژنتیکی[۱] برای گونه‌های مختلف آبزی مانند روغن ماهی اطلس (*Gadus morhua*) استفاده می‌شوند (Hubert *et al.*, 2010; Rasal *et al.*, 2017). تاکنون مطالعات متعددی پیرامون تنوع ژنتیکی گونه‌های مختلف آبزی در ایران و جهان انجام گرفته است. بر اساس گزارشات به‌دست آمده، نشانگرهای مولکولی مانند SNP نقش قابل توجهی در این مطالعات داشته‌اند. به‌عنوان مثال، پورکاظمی و همکاران (۱۳۹۳) در قالب یک مطالعه پژوهشی به بررسی تمایز بین دو گونه تاسماهی ایرانی (*A. persicus*) و تاسماهی روسی (*A. gueldeustadtti*) پرداختند. این مطالعه با استفاده از نشانگرهای مولکولی مبتنی بر DNA جهت تمایز دو گونه تاسماهی ایرانی و تاسماهی روسی انجام گردید. در این مطالعه از روش‌های مختلف مولکولی استفاده شد که از جمله آن‌ها می‌توان به SNP اشاره کرد. نتایج این مطالعه نشان داد که روش پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی (SNP) توانست به نحوی بهتر تمایز ژنوم دو گونه تاسماهی ایرانی و تاسماهی روسی را نشان دهد.

در مطالعه‌ای دیگر، Campbell و Narum (۲۰۰۸) در بررسی تنوع زیستی آزادماهی جویبار (*Oncorhynchus tshawytscha*) توانستند ۵۸ پلی‌مورفیسم روی DNA شناسایی کنند. برای ارزیابی قدرت این نشانگرها به‌منظور تمایز جمعیت‌ها آزمایشات لازم انجام گرفت. تفاوت فراوانی‌های آللی در بین افراد آزادماهی جویبار (*O. tshawytscha*) در هفت لوکوس SNP مشاهده شد، که نشان دهنده قدرت این مارکرها برای تمایز جمعیت‌ها بود. Sun و همکاران (۲۰۱۸) نیز در مطالعه‌ای که به‌منظور بررسی نقش نشانگرهای پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی (SNP) در ماهی *Ancherythoculter nigrocauda* انجام شده بود، در

[۱] genetic linkage map

[Downloaded from ornamentalaquatics.ir on 2026-11-03]

[DOR: 20.1001.1.24234575.1398.6.2.5.7]

مجموع، ۲۶ نشانگر از این گونه با استفاده از روش توالی RNA مبتنی بر Illumina تشخیص داده شد. علاوه بر این، هتروزیگوسیتی‌های مورد انتظار و مشاهده شده به ترتیب بین ۰/۰۹۱ تا ۰/۸۶۷ و ۰/۰۹۱ تا ۰/۸۰۰ متغیر بودند. نویسندگان معتقد بودند که این نشانگرها برای بررسی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت *A. nigrocauda* مفید خواهند بود.

تاکنون شناسایی SNP ها در گونه‌های مختلف آبزیان با استفاده از پلت‌فُرم های گوناگون صورت گرفته است. در جدول ۲ برخی از تحقیقات صورت گرفته در این زمینه که توسط Rasal و همکاران (۲۰۱۷) جمع آوری شده، ارائه شده است.

جدول ۲: شناسایی پلی‌مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی (SNP) در برخی از مهم‌ترین گونه‌های آبزیان (Rasal *et al.*, 2017).

ردیف	گونه	نام علمی	پلت‌فُرم استفاده شده	روش اعتبارسنجی	تعداد SNP یافت شده
۱	قزل‌آلای قهوه‌ای	*Salmo trutta*	توالی‌یابی سَنگِر	توالی‌یابی سَنگِر	۱۵
۲	روغن‌ماهی اطلس	*Gadus morhua*	توالی‌یابی سَنگِر	MassARRAY Sequenome	۷۲۴
۳	آزادماهی جویبار	*Oncorhynchus tshawytscha*	توالی‌یابی سَنگِر	Taqman	۴۰
۴	قزل‌آلای رنگین‌کمان	*Oncorhynchus mykiss*	454 GSFLX titanium	Golden Gate Assay	۵۸۰۰۰
۵	کپور معمولی	*Cyprinus carpio*	Illumina Hiseq2000	توالی‌یابی سَنگِر و آمپلیفیکیشن PCR	۷۱۲۰۴۲
۶	آنچوی اروپایی	*Engraulis encrasicolus*	454 and Illumina	Taqman genotyping assay	۲۳۱۷
۷	گربه ماهی کانالی	*Ictalurus punctatus*	Illumina	-	۴۰۷۸۶۱
۸	ماهی گورخری	*Danio rerio*	Illumina	Sequenom MassARRAY	۱۶۴
۹	میگوی پاسفید	*Litopenaeus vannamei*	Illumina Hiseq2000	توالی‌یابی سَنگِر وآمپلیفیکیشن PCR	۹۶۰۴۰
۱۰	کفشک ماهی زیتونی	*Paralichthys olivaceus*	EST seq	Taqman	۵۱۴

اگر چه داده‌های ژنتیکی به‌طور گسترده برای نظارت بر تغییرات در جمعیت‌های گیاهی و جانوری مورد استفاده قرار گرفته‌اند، اما برخی از مدیران نسبت به استفاده از این داده ها به‌عنوان شاخص‌های تغییر تمایل چندانی نشان نمی‌دهند. دلایل زیادی برای این تردید وجود دارد، اما یک دلیل برجسته این است که امکان تفسیر تغییرات با استفاده از سیگنال‌های ژنتیکی ممکن است دشوار باشد.

شاخص‌های ژنتیکی برای ارزیابی وضعیت فعلی جمعیت یا شناسایی روند در طول زمان استفاده می‌شوند. بنابراین، انتخاب یک شاخص مناسب و معیارهای بعدی برای تفسیر آن، ذاتاً به هدف برنامه مرتبط است. طراحی اولیه یک برنامه برای ارزیابی یا نظارت بر الگوهای تنوع ژنتیکی باید شامل اهداف روشن و مرتبط با طرح و روش‌های تحلیلی مناسب باشد (Schwartz *et al.*, 2007). این موضوع می‌تواند یک نکته مهم و ضروری در کاربرد شاخص‌های ژنتیکی در یک برنامه ارزیابی یا نظارتی باشد. به‌عنوان مثال، یک هدف مشترک در برنامه‌های نظارتِ ژنتیکی تعیین این است که آیا فرسایش ژنتیکی[1] رخ می‌دهد یا خیر. این امر مستلزم انتخاب شاخص مناسب برای مطالعه تنوع ژنتیکی و فرسایش ژنتیکی است (Pierson *et al.*, 2015).

نتیجه‌گیری

الگوی تنوع ژنتیکی در بین افراد جمعیت و بین جمعیت‌های مختلف به عنوان ساختار ژنتیکی جمعیتِ گونه شناخته

[1] genetic erosion

[Downloaded from ornamentalaquatics.ir on 2026-11-03]

[DOR: 20.1001.1.24234575.1398.6.2.5.7]

می‌شود. جنبه‌های کلیدی ساختار ژنتیکی جمعیت می‌توانند در زمینه شناسایی واحدهای بیولوژیکی به‌منظور مدیریت و حفاظت ذخایر مورد توجه قرار گیرند. بنابراین، برای جلوگیری از تخریب منابع ژنتیکی و مدیریت پایدار باید از این دانش موجود استفاده کرد. تاکنون، نشانگرهای مولکولی متعددی به منظور شناسایی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های آبزی استفاده شده‌اند. براساس مطالعات انجام شده، نشانگرهای SNP به دلیل برخورداری از قابلیت‌های ویژه، کارایی بالایی در اکولوژی مولکولی، مطالعات ژنتیکی در شیلات و برنامه‌های توسعه آبزی‌پروری دارند. این نشانگرها می‌توانند ابزار مفیدی برای حفاظت از ذخایر ژنتیکی آبزیان باشند. بنابراین لازم است تا پژوهش‌های بیشتری با هدف به کارگیری این نشانگرها و کاربرد آنها در حفاظت از ذخایر آبزیان صورت گیرد.

منابع

پورکاظمی، م.، عزیززاده، ل.، یارمحمدی، م. و حسن‌زاده‌صابر، م.، ۱۳۹۳. بررسی امکان استفاده از مارکر مولکولی برای تفکیک تاسماهی ایرانی (*Acipenser persicus*) و تاسماهی روسی(*A. gueldeustadtti*). موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، ۳۳۰ صفحه.

سبزواری، ع.م.، ضرغامی نسب، س. و طاهری، ه.، ۱۳۹۴. پلی‌مورفیسم‌های تک‌نوکلئوتیدی (SNP) و روش‌های ژنوتایپینگ آن. کنفرانس بین‌المللی پژوهش در علوم و تکنولوژی. دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان. ۲۳ آذر ۱۳۹۴.

سلیمانی، ن.، محمدی، غ.ح. و خدادادی، م.، ۱۳۹۳. بررسی تنوع ژنتیکی ماهی *Cyprinus carpio* پرورشی در استان خوزستان با استفاده از روش ریزماهواره‌ها. تازه‌های بیوتکنولوژی سلولی- مولکولی. دوره ۴، شماره ۱۴، صفحات ۹۸-۹۳.

شازده‌احمدی، م. و خرازی، م.، ۱۳۹۴. استفاده از نشانگر مولکولی ISSR در بررسی تنوع ژنتیکی برخی از ژنوتیپ‌های توتون. مجله پژوهش‌های ژنتیک گیاهی. جلد ۲، شماره ۲، صفحات ۴۶-۳۳.

Berger, J., Suzuki, T., Senti, K.A., Stubbs, J., Schaffner, G. and Dickson, B.J., 2001. Genetic mapping with SNP markers in Drosophila. Nature Genetics, 29: 475–481.

BioTechnology Notes. 2018. Top 8 Types of Genetic Markers (with Applications). http://www.biotechnologynotes.com/genetic-markers. Accessed on 29 December 2018.

Campbell, N.R. and Narum, S.R., 2008. Identification of Novel Single-Nucleotide Polymorphisms in Chinook salmon and Variation among Life History Types. Transactions of the American Fisheries Society, 137(1): 96–106.

Chauhan, T. and Rajiv, K., 2010. Molecular markers and their applications in fisheries and aquaculture. Advances in Bioscience and Biotechnology, 1: 281–291.

Chen, L., Li, Q. and Yang, J., 2008. Microsatellite genetic variation in wild and hatechery populations of the sea cucumber from northern china. Aquaculture Research, 39 (14): 1541–1549.

Çiftci, Y. and Okumus, I., 2002. Fish Population Genetics and Applications of Molecular Markers to Fisheries and Aquaculture: I- Basic Principles of Fish Population Genetics. Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 2: 145–155.

Doo, M. and Kim, Y., 2015. Obesity: Interactions of Genome and Nutrients Intake. Preventive Nutrition and Food Science, 20(1): 1–7.

Dudu, A., Georgescu, S.E. and Costache, M., 2015. Evaluation of Genetic Diversity in Fish Using Molecular Markers. In: Molecular Approaches to Genetic Diversity. InTech, Croatia, pp. 163–193.

[Downloaded from ornamentalaquatics.ir on 2026-11-03]
[DOR: 20.1001.1.24234575.1398.6.2.5.7]

Encyclopaedia Britannica, 2018. Single nucleotide polymorphism. Cited https://www.britannica.com/science/single-nucleotide-polymorphism. Accessed on 30 December 2018.

Frankham, R., 1995. Conservation genetics, Annual Review of Genetics, 29: 305–327.

GHR, Genetics Home Reference, 2018. https://ghr.nlm.nih.gov/primer/genomicresearch/snp. Accessed on 29 December 2018.

Glaubitz, J.C., Rhodes, O.E. and Dewoody, J.A., 2003. Prospects for inferring pairwise relationships with single nucleotide polymorphisms. Molecular Ecology, 12: 1039–1047.

Hubert, S., Higgins, B., Borza, T. and Bowman, S., 2010. Development of a SNP resource and a genetic linkage map for Atlantic cod (*Gadus morhua*). BMC Genomics, 11: 191.

ISOGG, International Society of Genetic Genealogy Wiki. 2018. Single-nucleotide polymorphism. https://isogg.org. Accessed on 30 December 2018.

Khan, F., 2015. Molecular Markers: An Excellent Tool for Genetic Analysis. Journal of Molecular Biomarkers and Diagnosis, 6: 233. DOI:10.4172/2155-9929.1000233.

Li, H.J., He, C.B., Yang, Q., Shan, Z.G., Tan, K.F. and Gao, X.G., 2010. Characterization of single nucleotide polymorphisms from expressed sequence tags of Chinese mitten crab *Eriocheir sinensis*, Aquatic Biology, 11: 193–199.

Li, L., Lin, H., Tang, W., Liu, D., Bao, B. and Yang, J., 2017. Population genetic structure in wild and aquaculture populations of *Hemibarbus maculates* inferred from microsatellites markers. Aquaculture and Fisheries, 2(2): 78–83.

Maqsood, H.M. and Ahmad, S.M., 2017. Advances in molecular markers and their applications in aquaculture and fisheries. Genetics of Aquatic Organisms, 1: 27–41.

Morin, P.A., Hancock, B.L. and George, J.C., 2007. Development and application of single nucleotide polymorphisms (SNPs) for bowhead whale population structure analysis. Paper SC/59/BRG8 presented to the Scientific Committee of the International Whaling Commission, J. CETACEAN RES. MANAGE. 10(2):93–97.

Mukhopadhyay, T. and Bhattacharjee, S., 2014. Study of the Genetic Diversity of the Ornamental Fish *Badis badis* (Hamilton-Buchanan, 1822) in the Terai Region of Sub-Himalayan West Bengal, India. International Journal of Biodiversity, Article ID 791364, 10 pages, 2014. International Journal of Biodiversity Volume 2014, Article ID 791364, 10 pages .DOI:10.1155/2014/791364.

Pierson, J., Luikart, G. and Schwartz, M., 2015. The application of genetic indicators in wild populations: potential and pitfalls for genetic monitoring. In: Lindenmayer D.B.; Barton, P.; Pierson, J.C. (Eds). Indicators and surrogates of biodiversity and environmental change. Melbourne, Australia, CSIRO Publishing, pp. 149–159.

Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J. and Tingey, S., 1996. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. Molecular Breeding, 2: 225–238.

[Downloaded from ornamentalaquatics.ir on 2026-11-03]

[DOR: 20.1001.1.24234575.1398.6.2.5.7]

Primmer, C.R., 2005. Genetic characterisation of populations and its use in conservation decision making in fish. The Role of Biotechnology. Villa Gualino, Turin, Italy, 5–7 March, 2005. Pp.137-142.

Rasal, K.D., Chakrapani, V., Pandey, A.K., Rasal, A.R., Sundaray, J.K., Ninawe, A. and Jayasankar, P., 2017. Status and future perspectives of single nucleotide polymorphisms (SNPs) markers in farmed fishes: Way ahead using next generation sequencing. Gene Reports, 6: 81–86.

Schwartz, M.K., Luikart, G. and Waples, R.S., 2007. Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management. Trends in Ecology and Evolution, 22: 25–33.

Smith, C.T., Elfstrom, C.M., Seeb, L.W. and Seeb, J.E., 2005. Use of sequence data from rainbow trout and Atlantic salmon for SNP detection in Pacific salmon. Molecular Ecology, 14: 4193–4203.

Smith, S., Aitken, N., Schwarz, C. and Morin, P.A., 2004. Characterisation of 15 single nucleotide polymorphism markers for chimpanzees (*Pan troglodytes*). Molecular Ecology Notes, 4: 348–351.

SNE, **Scitable by nature education, 2018.** https://www.nature.com/scitable/definition/single-nucleotide-polymorphism-snp-295. Accessed on 30 December 2018.

Sun, Y., Li, Q., Wei, H., Wang, G., Chen, J. and Li, P., 2018. Single nucleotide polymorphism identification in growth-related genes from the transcriptome of the fish *Ancherythroculter nigrocauda*. Conservation Genetics Resources, 10(2): 153–155.

Vignal, A., Milan, D., Sancristobal, M. and Eggen, A., 2002. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. Genetics Selection Evolution, BioMed Central, 34(3): 275–305.

[Downloaded from ornamentalaquatics.ir on 2026-11-03]

[DOR: 20.1001.1.24234575.1398.6.2.5.7]

Application of single-nucleotide polymorphism (SNP) as a molecular marker in the study of genetic diversity of aquatic populations

Radkhah A.R.[1*]; Sadeghinejad Masouleh E.[2]

[*] alirezaradkhah@ut.ac.ir

1-Department of Fisheries, Faculty of Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran.
2-Inland Waters Aquaculture Research Center, Iranian Fisheries Science Research Institute (IFSRI), Agriculture Research Education and Extension Organization (AREEO), Bandar-e Anzali, Iran.

Abstract

Genetic diversity is one of the important and essential characteristics of any population for its survival. The study of genetic variation in different populations of aquatic organisms is of particular importance in order to protect, stabilize and manage their stocks. Based on studies conducted in recent years, molecular markers have proven that they can be used as indicators of the genetic diversity of aquatic populations. Therefore, the necessity of examining genetic variations in various aquatic species has led to the use of molecular markers in many ecological studies. The present study was conducted to investigate the role of molecular markers, especially single nucleotide polymorphisms (SNP), in the study of genetic diversity in aquatic organisms. The findings can be valuable for the conservation and sustainable management of aquaculture stocks in fisheries and aquaculture.

Keywords: Molecular marker, SNP, Polymorphism, Genetic diversity, Aquatic organisms.

[Downloaded from ornamentalaquatics.ir on 2026-11-03]

[DOR: 20.1001.1.24234575.1398.6.2.5.7]