چندشکلی ژن تیروزیناز در ماهیان قزل‌آلای‌رنگین‌کمان طلایی پرورشی
(Golden Rainbow Trout: *Oncorhynchus mykiss*)

بهاره اکبرنژاد[۱]، سیامک یوسفی‌سیاه‌کلرودی*[۲]، شهره زارع‌کاریزی[۱]

۱ - گروه ژنتیک، دانشکده علوم زیستی، واحد ورامین- پیشوا، دانشگاه آزاد اسلامی، ایران، صندوق پستی: ۳۳۸۱۷-۷۴۸۹

۲- گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم زیستی، واحد ورامین- پیشوا، دانشگاه آزاد اسلامی، ایران، صندوق پستی: ۳۳۸۱۷-۷۴۸۹

تاریخ دریافت: ۱۲ مهر ۱۳۹۵ تاریخ پذیرش: ۳ اسفند ۱۳۹۵

چکیده

به‌منظور بررسی چندشکلی ژن تیروزیناز در ماهیان قزل‌آلای رنگین‌کمان طلایی، استحراج DNA از باله دمی ۱۰۰ قطعه بچه‌ماهی انجام گرفت. تکثیر ناحیه پلی‌مورفیک ۴۲۳bp ژن تیروزیناز با استفاده از تکنیک PCR و پرایمرهای اختصاصی Tyr1.2r و Tyr1.2f انجام شد. سپس به‌منظور هضم آنزیمی از آنزیم برشگر *Hinf1* استفاده شد. بر این اساس سه الگوی برشی مشاهده شدند که در حالت اول افراد دارای دو قطعه ۲۲۲bp و ۲۰۱bp، دارای ژنوتیپ هموزیگوت NN بودند که عمل هضم آنزیمی روی آن انجام گرفته بود. از بین ۱۰۰ نمونه ۲۶ نمونه دارای این ژنوتیپ بودند. افراد دارای ۴۲۳bp دارای ژنوتیپ هموزیگوت MM بوده که مورد هضم قرار نگرفت و تعداد ۳۶ نمونه را شامل شد. در ژنوتیپ MN هر سه اندازه ۴۲۳bp، ۲۰۱bp و ۲۲۲bp مشاهده شد که بیان‌گر ژنوتیپ هتروزیگوت بود و از کل ۱۰۰ نمونه ۳۸ مورد دارای این ژنوتیپ بودند. تعداد آلل N و M به‌ترتیب ۹۰ و ۱۱۰ و مقدار فراوانی ژنی برای آلل N و M به‌ترتیب ۰/۴۵ و ۰/۵۵ حاصل شد. تعداد فراوانی ژنوتیپی NN، MN و MM به‌ترتیب ۰/۲۶، ۰/۳۸و ۰/۳۶ به‌دست آمد. نتایج حاصل از کای اسکور و جی اسکور خروج جمعیت از تعادل هاردی-واینبرگ را نشان داد که علت خروج جمعیت قزل‌آلای رنگین‌کمان از تعادل، احتمالاً تکثیر مصنوعی می باشد.

کلمات کلیدی: چندشکلی، قزل‌آلای رنگین‌کمان طلایی، تیروزیناز، PCR-RFLP.

* عهده‌دار مکاتبات (✉). siamak.yousefi1@gmail.com

[Downloaded from aqudev.liau.ac.ir on 2026-01-31]

[DOR: 20.1001.1.23223545.1396.11.1.10.7]

مقدمه

رنگدانه‌سازی و الگوهای متنوع آن در پوست و گوشت ماهیان در بین پرورش‌دهندگانی که به‌دنبال بهبود کیفیت در محصولات خود هستند از جایگاه ویژه‌ای برخوردار است (Buyukcapar *et al.,* 2007). تنوع رنگ تقریباً در بین همه گونه‌های جانوران مشاهده می‌شود، یکی از زیباترین الگوهای رنگدانه‌سازی در طبیعت را می‌توان در ماهیان مشاهده کرد (O'Quin *et al.,* 2013). از ژن‌های مؤثر بر رنگدانه‌سازی می‌توان به ژن‌های خانواده تیروزیناز اشاره نمود، ژن‌های خانواده تیروزیناز در مهره‌داران شامل سه عضو است: تیروزیناز (TYR)، پروتئین مرتبط با تیروزیناز-۱ (TRP-1) و پروتئین مرتبط با تیروزیناز-۲ (TRP-2) که این پروتئین‌ها بیوسنتز ملانین در سلول‌های رنگی را کاتالیز می‌کنند و نقش مهمی در تنوع رنگ در مهره‌داران بر عهده دارند (Jiaqing *et al.,* 2007). ملانین رنگدانه اصلی موجود در مو، پوست و چشم است و در سلول‌هایی به نام ملانوسیت تولید می‌شود (Jiaqing *et al.,* 2007) و علاوه براین به‌عنوان یک محافظ نوری عمل کرده و مسؤل کاهش ابتلا به سرطان پوست در افراد دارای رنگ مو و پوست تیره است (Liu *et al.,* 2005; Wrobel *et al.,* 1998). جهش در ژن تیروزیناز مسئول بروز فنوتیپ آلبینیسم است. برای مثال جهشی نقطه‌ای در ژن تیروزیناز فنوتیپ آلبینو را در موش ایجاد می‌کند. هم‌چنین درج یک نوکلئوتید که به‌صورت برگشت ناپذیر به این ژن اضافه می‌شود، موجب بروز فنوتیپ آلبینو در ماهی مداکا (medaka) بوده است (Boonanuntanasarn *et al.,* 2004). از میان ماهیان آزاد، جهش یافته‌های آلبینو در ماهی آزاد آماگو (*Oncorhynchus masou ishikawai*)، قزل‌آلای رودخانه‌ای (*Salvelinus fontinalis*)، قزل آلای دریاچه‌ای (*S. namaycush*)، ماهی چینوک (*O. tshawytscha*) و قزل‌آلای رنگین‌کمان (*O. mykiss*) گزارش شده است. در بیش‌تر موارد فنوتیپ آلبینو به‌صورت مغلوب به ارث می‌رسد (Boonanuntanasarn *et al.,* 2004). اما در ژاپن سویه‌ای جهش یافته از فنوتیپ آلبینو (Golden rainbow trout) غالب نیز در قزل‌آلای رنگین‌کمان شناسایی شده است که با جهش در ژن تیروزیناز در ارتباط نیست (Nakamura, *et al.,* 2001). در ماهی گورخری (Zebra fish) جهش در ژن sdy که تیروزیناز را کددهی می‌کند عادت دهی به نور را به تاخیر می‌اندازد (Page-McCaw *et al.,* 2004). اکثر فنوتیپ‌های مشاهده شده آلبینو در ماهیان به‌دلیل جهش در ژن تیروزیناز گزارش شده است و از آن‌جا که تاکنون تحقیقی در ایران به مطالعه بررسی چندشکلی ژنتیکی و فراوانی انواع آلل های موجود در این ژن نپرداخته است، این پژوهش سعی دارد اطلاعات مناسبی از وجود یا عدم وجود چندشکلی، فراوانی آللی و ژنوتیپی و نیز ارتباط بین جهش در این ژن و بروز فنوتیپ آلبینو در ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان طلایی ایران در اختیار قرار دهد که این اطلاعات می‌تواند در مطالعات ژنتیکی و در بهبود نژادی قزل‌آلای رنگین‌کمان مفید واقع شود.

مواد و روش‌ها

جهت اجرای این پژوهش در سال ۱۳۹۵، تعداد ۱۰۰ قطعه بچه ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان طلایی (*Oncorhynchus mykiss*) از مجتمع پرورش ماهی ارجمند واقع در ۵ کیلومتری شهرستان فیروزکوه در

[Downloaded from aqudev.liau.ac.ir on 2026-01-31]

[DOR: 20.1001.1.23223545.1396.11.1.10.7]

استان تهران به‌صورت تصادفی تهیه گردید (اطمینان حاصل شد تا نمونه بچه ماهی‌ها از کارگاه‌های مختلف باشند) و به آزمایشگاه تحقیقاتی بیولوژی و مولکولی پژوهشگاه علوم پزشکی بقیهٔ الله منتقل گردیدند و تا شروع ادامه مراحل پژوهش در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگه‌داری شدند. در ادامه قبل از انجام مراحل استخراج DNA، نمونه‌های گرفته شده ابتدا یخ‌زدایی شدند و از هر نمونه (باله دمی) به‌میزان ۲۰ میلی‌گرم با ترازوی دیجیتال با دقت ۰/۱ میلی‌گرم وزن گردید و به میکروتیوب‌هایی با حجم ۱/۵ میلی‌لیتر منتقل گردید. استخراج DNA با استفاده از کیت استخراج DNA شرکت Gene All کشور کره جنوبی انجام پذیرفت. برای تعیین کیفیت و کمیت DNA استخراج شده، از روش متداول الکتروفورز ژل آگارز (Moore *et al.,* 1991) و نانودراپ (2000 Nano-Drop) استفاده شد. در این تحقیق جهت تکثیر ناحیه پلی‌مورفیک ژن ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان به طول ۴۲۳ جفت باز از آغازگرهای اختصاصی Tyr1.2r و Tyr1.2f (Lori *et al.,* 1999) و با توالی زیر استفاده گردید:

Tyr1.2r 5́ CCTCCCTACTCTGACATCGT3́
Tyr1.2f 5́ CAGCTCAGACTATGTCATC3́

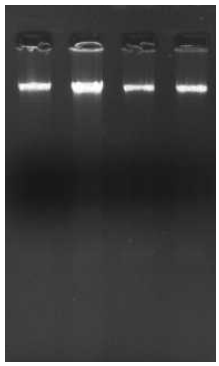
به منظور انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR) ژن تیروزیناز از حجم ۲۰ میکرولیتر شامل یک میکرولیتر کلرید منیزیم، یک میکرولیتر بافر PCR، ۰/۸ میکرولیتر نوکلئوتیدها، ۰/۲ میکرولیتر پرایمر، ۰/۲ میکرولیتر آنزیم Tag و آب دیونیزه استفاده شد. شرایط چرخه دمایی و مشخصات داده شده به دستگاه ترموسایکلر برای واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز به‌ترتیب مرحله اول واسرشته‌سازی کلی ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه، مرحله دوم واسرشته‌سازی ۹۴ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۴۰ ثانیه، مرحله سوم اتصال پرایمرها به‌مدت ۵۸/۶ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۴۰ ثانیه، مرحله چهارم بسط اولیه پرایمر ۷۲ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۴۰ ثانیه و مرحله پنجم بسط نهایی پرایمر ۷۲ درجه سانتی‌گراد ۷ دقیقه برای تعداد چرخه ۳۰ برای مراحل ۲ تا ۴ تنظیم گردید. سپس برای اطمینان یافتن از انجام صحیح واکنش زنجیره‌ای پلیمراز محصولات PCR بر روی ژل آگارز یک درصد انتقال یافتند. در ادامه جهت هضم آنزیمی از آنزیم برشگر *Hinf1* استفاده گردید. بدین منظور ۱۰ میکرولیتر محصول PCR با ۱ میکرولیتر آنزیم برشی *Hinf1* مخلوط شد و به‌مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد ترموبلاک قرار داده شد. در آخر به‌منظور متوقف شدن فعالیت آنزیم برشگر به‌مدت ۲۰ دقیقه در دمای ۸۰ درجه سانتی‌گراد ترموبلاک قرار داده شد. محصول به‌دست آمده از عمل هضم آنزیمی روی ژل آگاروز ۱٪ الکتروفورز شد و با کمک سایز مارکر ۱۰۰bp اندازه باندها مشخص شدند، سپس جهت تعیین ژنوتیپ در جایگاه ژنی تیروزیناز از تکنیک PCR-RFLP استفاده گردید. تعیین ژنوتیپ با توجه به حضور و یا عدم حضور باندها مشخص شد. تخمین فراوانی آللی و ژنوتیپی واحتمال برقراری تعادل هاردی-واینبرگ با استفاده از هر دو معیار کای‌اسکور و نسبت درست نمایی جی‌اسکور با استفاده از نرم‌افزار Pop Gene ۳۲ مورد آنالیز قرار گرفت (Yeh *et al.,* 1999).

نتایج

کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از کیت استخراج DNA شرکت Gene All در حد مطلوبی قرار داشت و نمونه‌ها فاقد هر گونه آلودگی بودند

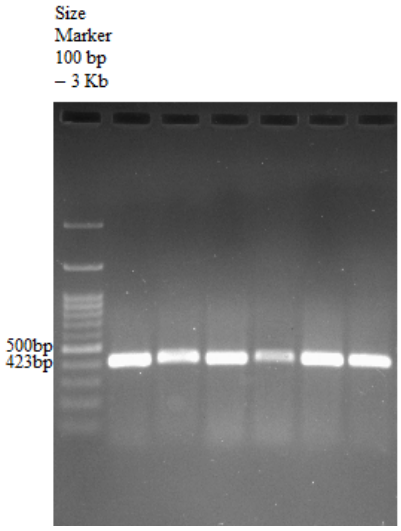
[Downloaded from aqudev.liau.ac.ir on 2026-01-31]
[DOR: 20.1001.1.23223545.1396.11.1.10.7]

(شکل ۱). غلظت اندازه‌گیری شده در تمام DNAهای استخراجی با استفاده از نانودراپ بین ۱۰۰ تا ۱۸۰ نانوگرم بود که بیان‌گر غلظت مناسب DNA استخراج شده است.



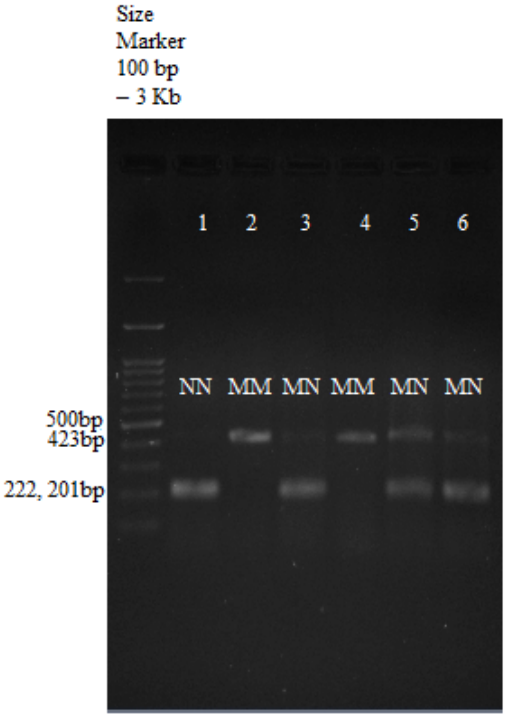
شکل ۱: الکتروفورز DNA ژنومیک تخلیص شده بر روی ژل آگارز ۱٪ رنگ آمیزی شده با اتیدیوم بروماید

براساس نتایج به‌دست آمده از واکنش PCR با استفاده از پرایمرهای اختصاصی ژن تیروزیناز، باند مورد نظر 423bp حاصل گردید (شکل ۲).



شکل ۲: نتیجه واکنش PCR بر روی ژن تیروزیناز ماهی قزل‌آلای رنگین کمان (پرایمرهای اختصاصی این ژن توانسته‌اند قطعات۴۲۳جفت باز را تکثیر دهند)

آنزیم برش‌دهنده *HinfI* قطعات تکثیر شده حاصل از واکنش PCR را که دارای اندازه باند ۴۲۳bp می‌باشند را در یک جایگاه برش می‌دهد و قطعات ۲۲۲bp و ۲۰۱bp ایجاد می‌کند که آلل N دارای هر دو قطعه است و در نمونه‌ها به صورت دو باند مجزا روی ژل مشاهده گردید و در برخی دیگر از نمونه‌ها هم عمل هضم صورت نگرفت. زیرا این آنزیم آلل N را مورد هضم قرار می‌دهد ولی بر آلل M تأثیری ندارد و تنها قطعه‌ای به‌صورت انفرادی به وزن ۴۲۳bp مشاهده شد که آلل نوع M بود.



شکل۳: نتیجه آنزیمی برش‌دهنده *Hinf1* قطعات تکثیر شده حاصل از واکنش PCR

بر این اساس سه الگوی برشی مشاهده شدند که در حالت اول افراد دارای دو قطعه ۲۲۲bpو۲۰۱bp، دارای ژنوتیپ هموزیگوت NN بودند که عمل هضم آنزیمی روی آن انجام گرفته بود. ازبین ۱۰۰ نمونه ۲۶ نمونه دارای این ژنوتیپ بودند. افراد دارای ۴۲۳bp

[Downloaded from aqudev.liau.ac.ir on 2026-01-31]
[DOR: 20.1001.1.23223545.1396.11.1.10.7]

دارای ژنوتیپ هموزیگوت MM بوده که مورد هضم قرار نگرفت و تعداد ۳۶ نمونه را شامل شد. در ژنوتیپ MN هر سه اندازه ۴۲۳bp، ۲۰۱bp و ۲۲۲bp مشاهده شد که بیان‌گر ژنوتیپ هتروزیگوت بودند و از کل ۱۰۰ نمونه ۳۸ مورد دارای این ژنوتیپ بودند(شکل ۳).

بر اساس اطلاعات فوق میزان فراوانی ژنی و ژنوتیپی محاسبه شده در جدول ۱ و میزان کای اسکور و جی اسکور جهت بررسی تعادل هاردی-واینبرگ در جدول ۲ آورده شده است.

جدول ۱: فراوانی ژنی و ژنوتیپی به‌دست آمده از هضم آنزیمی

	ژنوتیپ			آلل	
	NN	MN	MM	N	M
تعداد	۲۶	۳۸	۳۶	۹۰	۱۱۰
فراوانی نسبی	۰/۲۶	۰/۳۸	۰/۳۶	۰/۴۵	۰/۵۵

جدول ۲: نتایج آزمون $(X_T)^2$ و $(G_T)^2$ جهت تعادل هاردی- واینبرگ

ژنوتیپ	افرادمشاهده شده O	افراد مورد انتظار E	$(O-E)^2/E$	Df	X_T^2	Probability	G_T^2	Probability
MM	۳۶	۳۰/۲۵	۱/۰۹	۱	/۳۹۷۴ ۵	۰/۰۲۰۱۶	/۳۶ ۵	۰/۰۲
MN	۳۸	۴۹/۵۰	۲/۶۷					
NN	۲۶	۲۰/۲۵	۱/۶۳					

با توجه به جدول ۲ چون مقدار احتمال برای آزمون $(X_T)^2$ برابر با ۰/۰۲ است و کمتر از سطح آزمون تعیین شده (۰/۰۵) می‌باشد، هم‌چنین برای آزمون $(G_T)^2$ نیز مقدار احتمال برابر ۰/۰۲ و کم‌تر از سطح آزمون می‌باشد، پس فرض صفر یعنی وجود تعادل پذیرفته نمی‌شود.

بحث

اولین مرحله تدوین استراتژی مدیریت ذخایر آبزیان در منابع آبی، مشخص شدن ساختار ژنتیکی جمعیت‌های درحال بهره‌برداری می‌باشد. این استراتژی در صورتی که بر پایه روش‌های قوی و دقیق مولکولی باشد، می‌تواند علاوه بر حفظ تنوع‌زیستی، میزان برداشت را به بیشترین مقدار معقول برساند (Thai *et al.*, 2006). بررسی گوناگونی و تنوع ژنتیکی قزل‌آلای رنگین‌کمان، به‌منزله مهم‌ترین گونه پرورشی در ایران، ضروری است.

نتیجه حاصل از این تحقیق نشان داد که ژن تیروزیناز در ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان طلایی دارای چندشکلی بوده و سه ژنوتیپ حاصل از دو آلل قابل مشاهده است. در این تحقیق فراوانی آلل M در ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان ۰/۵۵ و آلل N ۰/۴۵ به‌دست آمد (جدول ۱). علاوه بر آن PCR-RFLP با آنزیم *HinfI* روش مناسبی جهت انتخاب ژنوتیپ‌های مختلف ماهی در راستای اصلاح‌نژاد براساس ژن تیروزیناز بوده و

[Downloaded from aqudev.liau.ac.ir on 2026-01-31]

[DOR: 20.1001.1.23223545.1396.11.1.10.7]

آنزیم محدودگر *HinfI* آنزیم محدودگر کارآمدی جهت تشخیص واریانت‌های این ناحیه از ژن تیروزیناز در ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان می‌باشد.

براساس آزمون مربع کای خروج از تعادل هاردی-واینبرگ در جایگاه ژن تیروزیناز مشاهده شد. عدم وجود تعادل هاردی واینبرگ در جمعیت مورد مطالعه بیانگر انتخاب ژنتیکی در راستای اصلاح نژاد برای ژن تیروزیناز در این جمعیت از ماهیان قزل‌آلای رنگین‌کمان می‌باشد. هم‌چنین تلاقی‌های غیرتصادفی، کوچک بودن جمعیت و افزایش هم‌خونی و افزایش هموزیگوت‌ها را در جامعه مورد مطالعه نشان می‌دهد که با نتایج کریم‌خانی و همکاران (۱۳۹۳) که به بررسی چندشکلی ژن SLC24A5 در ماهیان قزل آلای رنگین کمان پرداخته است، هم‌خوانی دارد که در بررسی وجود یا عدم وجود آلل‌های اختصاصی ژن SLC24A5 مشخص کردند که نمونه‌ها دارای آلل‌های اختصاصی ژن SLC24A5 بوده و ژن SLC24A5 در ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان دارای چندشکلی بوده است و بر اساس آزمون مربع کای خروج از تعادل هاردی واینبرگ در همه جایگاه‌ها مشخص نمودند.

از آنجا که در این مطالعه فقط به بررسی چندشکلی پرداخته شده است و ارتباط این چندشکلی با صفات تولیدی مورد بررسی قرار نگرفته، لذا هیچ نظری نمی‌توان در مورد مطلوب بودن آلل ها ابراز داشت. به‌طورکلی یک عامل به تنهایی نمی‌تواند علت انحراف از تعادل را در یک جمعیت توضیح دهد و مجموعه‌ای از عوامل سبب انحراف جمعیت از تعادل می‌شود که یکی از بیش‌ترین عوامل تکثیر مصنوعی است، بنابراین می‌توان علت انحراف از تعادل در جمعیت قزل‌آلای رنگین‌کمان را احتمالاً همین تکثیر مصنوعی اعلام نمود که با نتایج کریم‌خانی و همکاران (۱۳۹۳) که علت انحراف از تعادل را در جمعیت قزل‌آلای رنگین‌کمان تکثیر مصنوعی اعلام نمودند منطبق دانست.

Streisinger و همکاران (۱۹۸۱) موتاسیون مغلوب برای اولین بار در Zebrafish تشخیص دادند که نتیجه آن ایجاد فنوتیپ طلایی (gol+) می‌باشد که در آن رنگ ماهی‌ها در غیاب تولید ملانین طلایی می‌شود. بررسی فراوانی ژنوتیپ‌ها در این تحقیق با تحقیقات Streisinger و همکاران (۱۹۸۱) هم‌خوانی داشت.

طلا و همکاران (۱۳۹۰) با بررسی پلی‌مورفیسم ژنوم میتوکندریایی ماهی سوکلا *Rachycentron canadum* در آب‌های شمالی خلیج فارس و دریای عمان نشان دادند که در تمام نمونه‌ها هم‌شکل (مونومورف) بود و پلی‌مورفیسم (چندشکلی) مشاهده نگردید که با نتایج مطالعه اخیر مطابقت نداشت.

با توجه به آن‌که این پژوهش اولین گزارش کار با تکنیک PCR روی ژن تیروزیناز در ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان می‌باشد که در ایران صورت گرفته است و چندشکلی در این ژن می‌تواند با استفاده از روش انتخاب به کمک نشان‌گر راه را برای سایر محققین و اصلاح نژادکنندگان کشور هموار نماید و مسبب آن باشد که کیفیت رنگ پوست و گوشت در ماهی قزل-آلای رنگین‌کمان دقیق‌تر مورد بررسی قرار گیرد و در مطالعات تنوع ژنتیکی مفید واقع شود. با در نظر گرفتن این موضوع که فعالیت تیروزیناز وراثت پذیری بالایی را از خود نشان می‌دهد (Boonanuntanasarn *et al.,* 2004) و در نتیجه انتخاب تیروزیناز می‌تواند باعث بهبود رنگ پوست و گوشت گردد و از آن‌جایی که ماهی قزل‌آلای رنگین‌کمان جزو ماهیان پرورشی مهم ایران محسوب شده و از نظر تعداد بیش‌ترین تعداد را

[Downloaded from aqudev.liau.ac.ir on 2026-01-31]

[DOR: 20.1001.1.23223545.1396.11.1.10.7]

در کشور دارا می‌باشد، مطالعه پلی‌مورفیسم ژن تیروزیناز در این گونه دارای اهمیت می‌باشد. در نهایت اطلاعات حاصل به عنوان ابزاری در اختیار اصلاح‌گران ماهی قرار گیرد و همچنین در مطالعات تنوع‌ژنتیکی به کار آید.

سپاسگزاری

در اینجا بر خود لازم می‌دانیم از زحمات کلیه کسانی که مارا در انجام این تحقیق یاری نمودند سپاسگزاری نماییم.

منابع

۱. طلا، م.، کاظمی‌دمنه، ب.، لالویی، ف.، سلطانی، م.، آزاد، م.، کوچکی، ا.، ۱۳۹۰. بررسی پلی‌مورفیسم ژنوم میتوکندریایی ماهی سوکلا *Rachycentron canadum* در آب‌های شمالی خلیج فارس و دریای عمان. پژوهنده، ۱۶(۵)، ۲۴۶ - ۲۵۱.

۲. کریم‌خانی، م.، ۱۳۹۳. بررسی چندشکلی ژن SLC24a5 در ماهیان قزل‌آلای رنگین‌کمان. پایان‌نامه کارشناسی‌ارشد. رشته ژنتیک و اصلاح نژاد دام. دانشکده کشاورزی. دانشگاه آزاد اسلامی واحد ورامین- پیشوا، ۷۱ صفحه.

3. Boonanuntanasarn, S., Yoshizaki, G., Iwai, K., Takeuchi, T., 2004. Molecular cloning, gene expression in Albino mutants and gene knockdown studies of Tyrosinase mRNA in rainbow trout. Pigment cell research, 17, 413-421.
4. Buyukcapar, H.M., Yanar, M., Yanar, J., 2007. Pigmentation of Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*) with Carotenoids from Marigold Flower (*Tagetes erecta*) and Red Pepper (*Capsicum annum*).Turkish Journal of Veterinary Animal Science, 31, 7-12.
5. Jiaqing, W., Lin, H., Ruifeng, Z., Xintao, Z., Lijuan, J., Wenjing, S., Jialu, A., Xiayon, L., 2007. The Tyrosinase gene family and albinism in fish. Chinese journal of oceanology and limnology, 25(2), 191-198.
6. Liu, Y., Hong, L., Wakamatsu, K., Ito, S., Adhyaru, B., Cheng, C., 2005. Photochem. Photobiol, 81, 135 p.
7. Lori, A., Passmore, B., Kaesmann-Kellner, B., Weber, H.F., 1999. Novel and recurrent mutations in the Tyrosinase gene and the P gene in the German albino population. Hum Genet, 105, 200-210.
8. Moore, G., Cheung, W., Schwarzacher, T., Flavell, R., 1991. BIS-I, a major component of the cereal genome and a tool for studying genomic organization. Genomics, 10, 469-476.
9. Nakamura, K., Ozaki, A., Akutsu, T., Iwai, K., Sakamoto, T., Yoshizaki, G., Okamoto, N., 2001. Genetic mapping of the dominant albino locus in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Molecular Genetic Genomics, 265(4), 687-93.
10. O'Quin, C.T., Drilea, C.A., Conte, M.A., Kocher, T.D., 2013. Mapping of pigmentation QTL on an anchored genome assembly of the cichlid fish, Metriaclima zebra. BMC Genomics, 14, 287 p.
11. Page-McCaw, P.S., Chung, S.C., Muto, A., Roeser, T., Staub, W., Finger-Baier, K.C., Korenbrot, J.I., Baier, H., 2004. Retinal network adaptation to bright light requires Tyrosinase. Nature Neuroscience, 7, 1329-1336.
12. Streisinger, G., Walker, C., Dower, D., Knauber, D., Singer, F., 1981. The gol-1, gol-2, alb-1 and spa-1 mutations affect pigment pattern in the zebra fish. Nature, 291-293.
13. Thai, B.T., Pham, T.A., Austin, G.M., 2006. Genetic diversity of common carp in Vietnam using direct sequencing and SSCP analysis of the mitochondrial DNA control region. Aquaculture, 258, 228-240.
14. Wrobel, D., Hanys, I., Planner, A., Dudkowiak, A., Saran, T., 1998. J. Photochem. Photobiol. B., 47, 165 p.
15. Yeh, F.C., Yang, R.C., Boyle, T., 1999. Popgene. Version 1.31. Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis, University of Alberta. Edmonton, AB, Canada.

[Downloaded from aqudev.liau.ac.ir on 2026-01-31]

[DOR: 20.1001.1.23223545.1396.11.1.10.7]