



تولیات دامی

دوره ۲۳ ■ شماره ۲ ■ تابستان ۱۴۰۰

صفحه‌های ۱۶۳-۱۵۵

DOI: 10.22059/jap.2021.299463.623516

مقاله پژوهشی

بررسی ساختار ژنتیکی اسب‌های بومی ایران با استفاده از نشان‌گرهای ریزماهوره

محمد عبدلی^۱، محمد باقر زندی^{۲*}، محمد طاهر هرکی نژاد^۳، مسعود خلیلی^۴

۱. دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران.

۲. استادیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران.

۳. دانشیار، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران.

۴. دکتری تخصصی ژنتیک و اصلاح نژاد دام، فدراسیون سوارکاری جمهوری اسلامی ایران، تهران، ایران.

تاریخ پذیرش مقاله: ۱۳۹۹/۰۸/۱۹

تاریخ دریافت مقاله: ۱۳۹۸/۱۲/۲۴

چکیده

هدف از این پژوهش، بررسی ساختار ژنتیکی اسب‌های بومی ایران با استفاده از ۱۱ نشان‌گر ریزماهوره انجمن بین‌المللی ژنتیک حیوانات (ISAG) برای مقایسه تنوع ژنتیکی و درک روابط بین جمعیت‌ها مورد بررسی قرار گرفت. بدین منظور از بانک اطلاعاتی فدراسیون سوارکاری کشور تعداد ۵۶۵ اسب از سنین مختلف (شش‌ماهگی تا ۲۵ سالگی) از نژادهای اسب عرب اصیل، کاسپین، دره‌شوری، کرد و ترکمن هر کدام به تعداد ۱۱۳ راس انتخاب شدند. تعداد آلل‌های مشاهده شده برای هر جایگاه از هفت تا ۱۹ آلل و با میانگین ۱۰/۸۱ آلل بود که جایگاه ASB17 با ۱۹ آلل و جایگاه HTG4 با هفت آلل به ترتیب دارای بیش‌ترین و کم‌ترین تعداد آلل بودند. مقادیر میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده از بزرگ‌ترین به کوچک‌ترین، متعلق به نژاد ترکمن (۰/۱۱±۰/۷۸)، کاسپین (۰/۰۷±۰/۷۷)، کرد (۰/۰۶±۰/۶۶)، دره‌شوری (۰/۰۷±۰/۶۵)، و عرب اصیل (۰/۰۸±۰/۶۲) بود. در بررسی ساختار جمعیتی به روش جفت گروهی غیروزی با کمک میانگین حسابی (UPGMA)، جمعیت‌های کاسپین و کرد با یکدیگر در یک گروه ژنتیکی و سایر جمعیت‌ها نیز در گروه‌های جداگانه‌ای قرار گرفتند. نتایج حاصل از این پژوهش، این فرضیه که جمعیت‌های کاسپین و کرد به اسب‌های نسایی نزدیک هستند را تأیید کرد. به‌طورکلی، نتایج به‌دست‌آمده از این مطالعه نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالا، با وجود شباهت ژنتیکی در برخی از جمعیت‌های اسب مورد مطالعه است. از طرفی گروه‌بندی ژنتیکی جمعیت‌ها با مناطق جغرافیایی آن‌ها همسان می‌باشد. نتایج حاصل از ریزماهوره‌ها بیانگر چندشکلی بودن و کارآمدی بالای جایگاه‌های مورد استفاده در آزمایش‌های مطالعه‌های تعیین نژاد، تنوع و ساختار ژنتیکی برای اسب‌های بومی کشور می‌باشد.

کلیدواژه‌ها: اسب‌های بومی ایران، تنوع ژنتیکی، ساختار ژنتیکی، نشان‌گرهای ریزماهوره، هتروزیگوسیتی.

Genetic structure survey of Iranian native horse breeds by microsatellite markers

Mohammad Abdoli¹, Mohammad Bagher Zandi^{2*}, Mohammad Taher Harkinezhad³, Masoud Khalili⁴

1. M.Sc. Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Zanjan University, Zanjan, Iran.

2. Assistant Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Zanjan University, Zanjan, Iran.

3. Associate Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Zanjan University, Zanjan, Iran.

4. Ph.D., Equestrian Federation of I.R.Iran, Tehran, Iran.

Received: March 14, 2020

Accepted: November 9, 2020

Abstract

The aim of this study was to investigate the genetic structure of Iranian native horse breeds to compare genetic diversity and understanding the relationships between the populations using 11 ISAG microsatellite markers. For this reason, 565 samples of the Iranian Equestrian database from different ages including the Iranian Arab Asil, Caspian, Darehshouri, Kurdish and Turkmen and 113 samples were used for each breed. The number of observed alleles for each locus was 7 to 19 alleles with an average of 10.81 alleles, and it was 19 for ASB17 and 7 for HTG4 locus with the highest and lowest observed alleles ranking respectively. The average observed heterozygosity from the largest to the lowest rank was, Turkmen (0.68±0.11), Caspian (0.67±0.07), Kurdish (0.66±0.06) Darehshouri (0.65±0.07), and Arab Asil (0.62±0.08). Population structure analysis with UPGMA method showed that Caspian and Kurdish populations were grouped as a unit cluster while the other populations grouped as a separate cluster. These results confirmed this hypothesis that the Caspian and Kurdish populations are close to the Nisa horses. In general, the results of this study indicate that the Iranian native horses have got a high genetic diversity, despite of populations have genetic similarity and the other hand genetic clustering of the populations is consistent with their geographic distances. The result of this study shows that the ISAG microsatellite markers are polymorphic and have more efficiency for assignment genetic diversity and genetic structure analysis of Iranian native horse breeds.

Keywords: Genetic diversity, genetic structure, Heterozygosity, Iranian native horse breeds, microsatellite markers.

مقدمه

حیوانات و گیاهان بومی به عنوان سرمایه ملی و ذخایر استراتژیک هر کشور محسوب می‌شوند و حفظ و تکثیر آن‌ها از ارزش و اهمیت بسیاری برخوردار است. این موجودات بر بسیاری از محدودیت‌های محیطی سازگاری پیدا کرده‌اند. این مسئله، لزوم حفظ تنوع ژنتیکی در دام‌های بومی را الزامی ساخته است، چرا که یک گونه بدون تنوع ژنتیکی کافی، قادر به سازگاری با تغییرات محیطی و مبارزه با عوامل بیماری‌زا نیست [۱].

اسب جزو پستانداران است که به خانواده اکوئیده تعلق دارد و از سرعت، قدرت و استقامت قابل توجهی برخوردار است. این حیوان یکی از مهم‌ترین حیوانات اهلی محسوب می‌شود که در زندگی آدمی نقش فراوانی داشته است [۱۵]. جمعیت‌های تشکیل‌دهنده اسب‌های بومی ایران شامل اسب‌های عرب (اصیل)، کاسپین، دره‌شوری، کرد و ترکمن می‌باشد. اسب‌های عرب ایران یکی از مشهورترین نژادهای اسب موجود در جهان بوده و به زیرخانواده‌های کهیلان، هادیان، حمدانی، سگلاوی و عبیان تقسیم می‌شوند. اسب کاسپین که به عنوان اسب میناتور نیز معروف است به عنوان یکی از کهن‌ترین اسب‌های موجود در خاورمیانه می‌باشند. اسب دره‌شوری به لحاظ ظاهری شبیه اسب‌های عرب بوده و منطقه "دره‌شور" پرورش می‌یابد. اسب‌های کرد با داشتن سُم‌ها و بدنی قدرتمند توانایی حرکت در جاده‌های سنگلاخی و کوهستانی را دارا بوده و شامل زیرخانواده‌های جاف، افشاری و سنجابی هستند. اسب‌های ترکمن شامل زیرخانواده‌های آخال‌تکه، یموت، چناران و گوگلان هستند و امروزه در اکثر نقاط کشور مورد استفاده قرار می‌گیرند [۹].

استفاده از نشان‌گرهای مورفولوژیکی در شناخت نژادهای اسب دنیا از قدمت زیادی برخوردار است در

رابطه با هر یک از نژادهای اسب ایرانی تا حدودی اطلاعات مورفولوژیکی و فنوتیپی وجود دارد که در منابع اطلاعات بین‌المللی ثبت شده‌اند. نشان‌گرهای ریزماهواره مربوط به اسب اولین بار در سوئد از ژنوم شناسایی و جداسازی شدند که نشان داده شد این جایگاه‌ها در اسب‌ها بسیار چندشکل می‌باشند [۱۶].

تاکنون مطالعات متعددی جهت سنجش تنوع ژنتیکی در جمعیت اسب‌ها صورت گرفته است، در این مطالعه‌ها جمعیت نژادهای مختلف از جمله اسب‌های نژاد عرب [۱۲]، اسب‌های نژاد کاسپین [۲۰]، اسب‌های نژاد کرد [۱۱] و ترکمن [۱۰] و غیره انجام پذیرفته و نتایج متفاوتی برای این مطالعه‌ها گزارش شده است.

در پژوهش حاضر، با استفاده از ۱۱ نشان‌گر ریزماهواره تنوع، ساختار ژنتیکی و ارتباط ژنتیکی پنج جمعیت اسب بومی ایران را مورد بررسی قرار گرفت تا با آگاهی از نتایج شاخص‌های ژنتیکی جمعیت‌های مورد مطالعه، میزان قرابت ژنتیکی و ساختار جمعیتی روشن شده و بتوان برنامه‌های اصلاح نژادی مناسبی را در این جمعیت‌ها برای حفظ تنوع ژنتیکی به کار برد.

مواد و روش‌ها

به منظور انجام این پژوهش، اطلاعات ریزماهواره تعداد ۵۶۵ راس اسب شامل نژادهای اسب عرب، کاسپین، دره‌شوری، کرد و ترکمن (هرکدام به تعداد ۱۱۳ راس) که مربوط به استان‌های مختلف کشور بودند استفاده شد. تمامی نمونه‌های مورد مطالعه در این پژوهش از بانک اطلاعات فدراسیون سوارکاری اخذ شد. در این پژوهش تعداد ۱۱ نشان‌گر ریزماهواره مورد مطالعه قرار گرفت که جزئیات پرایمرها و اندازه آلل‌های مرتبط با هر جایگاه مورد بررسی در (جدول ۱) ارایه شده است.

تولیدات دامی

جدول ۱. جزئیات پرایمرها و اندازه آل‌های مرتبط با

منابع	طول قطعه (bp)	کروموزوم	جایگاه
[۴]	۱۶۴-۱۴۴	۲۴	AHT4
[۴]	۱۴۴-۱۲۶	۸	AHT5
[۵]	۲۵۰-۲۱۶	۲	ASB2
[۵]	۱۲۹-۸۷	۲	ASB17
[۸]	۱۸۶-۱۷۰	۳	ASB23
[۸]	۱۷۰-۱۴۸	۹	HMS3
[۸]	۱۶۹-۱۵۱	۴	HMS6
[۸]	۱۸۵-۱۶۵	۱	HMS7
[۶]	۱۳۹-۱۲۷	۹	HTG4
[۱۷]	۱۱۵-۹۵	۲۱	HTG10
[۲۴]	۱۰۵-۸۷	۳۰	VHL20

برای بررسی تمایز بین جمعیت‌های مورد مطالعه، تجزیه تمایز نژادی انجام شد. از نرم‌افزار [۱۹] Structure v (2.3.4) برای بررسی تعداد خوشه‌ها بر اساس اطلاعات ریزماهواره برای اختصاص افراد به جمعیت‌ها، یا نژاد و خوشه‌بندی جمعیت‌ها به گروه‌های ژنتیکی استفاده شد. برای آگاهی بهتر از وجود جمعیت‌های واقعی، تعداد خوشه‌های اصلی با استفاده از تابع find.cluster تشخیص داده شد که خوشه‌بندی جمعیت‌ها با استفاده از تابع k-means و با افزایش مکرر تعداد خوشه‌ها اجرا شد. با استفاده از اطلاعات ژنوتایپ داده‌ها از جایگاه‌های چندشکل، تعداد خوشه‌ها (نژادها یا جمعیت‌ها) در نمونه‌ها و افراد اختصاصی به صورت هم‌زمان مشخص شد. در پایان، K (تعداد جمعیت‌های فرض شده) با مدل مخلوط، ۱۰,۰۰۰ دور در مرحله قلق‌گیری و ۵۰,۰۰۰ تکرار MCMC انجام شد.

نتایج و بحث

تعداد آل‌ها، تعداد آل مؤثر، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار، شاخص شانون و شاخص تثبیت رایت در ۱۱ جایگاه مورد بررسی در جمعیت اسب‌های مورد مطالعه و به تفکیک هر نشان‌گر ژنتیکی در جدول‌های (۲) و (۳) گزارش شده است. در این پژوهش، بیش‌ترین تعداد آل در جایگاه ASB17 (۱۹ آل) و کم‌ترین تعداد آل در جایگاه HTG4 (هفت آل) مشاهده شد. تعداد کل آل‌های مشاهده شده برابر ۱۱۹ آل و میانگین تعداد آل مشاهده شده ۱۱ جایگاه، ۱۰/۸۱ آل بود که بیانگر تنوع آلی بالا در جمعیت‌های مورد بررسی بود. دو جایگاه ASB17 و HTG4 نیز به ترتیب بیش‌ترین و کم‌ترین مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار، پلی‌مورفیسم و تعداد آل مؤثر را داشتند. بر اساس نتایج به دست آمده جایگاه‌های ASB23 و HMS3 از تعادل هاردی-واینبرگ انحراف داشتند ($P < 0.01$). با توجه به این‌که منطقه‌ای پرورش اکثریت نژادهای بومی مورد مطالعه

بررسی تعداد و میانگین آل مشاهده شده و تنوع جایگاه‌ها با استفاده از نرم‌افزار [۸] Cervus v (3.0.7) برآورد شد. تعداد آل مؤثر، هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار و بررسی وجود تعادل هاردی-واینبرگ با استفاده از آزمون مربع Chi (χ^2) بررسی شد و فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌ها بر اساس رابطه Nei، با استفاده از نرم‌افزار POPGENE v (1.32) [۲۵] برآورد شد. درخت فیلوژنی با استفاده از نرم‌افزار [۲۱] MEGA6 و به روش Neighbour-joining با ۱۰۰۰ بار نمونه‌گیری مجدد ترسیم شد.

جهت بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت‌های مورد مطالعه، جدول تجزیه واریانس مولکولی و همچنین مقادیر تثبیت با استفاده از رابطه (۱)، با استفاده از نرم‌افزار Arlequin v (3.5) محاسبه شد [۶].

$$F_{st} = (H_T - H_e) / H_T \quad \text{رابطه (۱)}$$

که در این رابطه، F_{st} مقادیر تثبیت؛ H_T هتروزیگوسیتی کل و H_e میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار در بین زیر جمعیت‌ها می‌باشد که از جدول آنالیز واریانس مولکولی به دست می‌آیند.

تولیدات دمی

در این پژوهش، محدود به خاستگاه آن‌ها بوده و با توجه به انتخاب تصادفی نمونه‌های مورد مطالعه در این پژوهش، هیچ‌یک از جمعیت‌ها از تعادل هاردی-واینبرگ انحراف نداشتند.

در مطالعه‌ای که با استفاده از ۲۷ نشان‌گر ریزماهواره انجام گرفت، میانگین تعداد آللی ۱۲/۲ برآورد شد، بیش‌ترین و کم‌ترین تعداد آلل نیز به ترتیب مربوط به جایگاه ASB17 (۱۹ آلل) و HTG4 (۸ آلل) بود [۱۴].

نتایج به دست آمده در این پژوهش با گزارش‌های قبلی در این خصوص [۱۳ و ۲] هم‌خوانی دارد. در مطالعه‌ای با بررسی چهار جایگاه ریزماهواره، دامنه آللی مشاهده شده از هشت تا ۱۳ آلل با میانگین ۹/۵ آلل گزارش شد. در آن جمعیت میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار به ترتیب برابر با ۰/۷۵ و ۰/۷۸ بود [۲۰].

میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار به ترتیب برابر با ۰/۷۶ و ۰/۷۸ بود که تقریباً برابر با نتایج [۲۲] و بالاتر از نتایج [۱۲] با میانگین ۰/۷۱ و ۰/۷۵ بود. در این تحقیق بالاترین میزان پلی مورفیسم (PIC) مربوط به جایگاه ASB17 (۰/۸۳) و کم‌ترین میزان آن مربوط به جایگاه HTG4 (۰/۶۷) بود. هم‌چنین میانگین PIC جمعیت‌های مورد بررسی ۰/۷۶ برآورد شد. این میزان پلی مورفیسم بالا در بین نشان‌گرهای ریزماهواره نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی به نسبت مطلوب جمعیت اسب‌های بومی کشور به شمار می‌آید. با بررسی دقیق نتایج حاصل از تعیین ژنوتایپ داده‌ها می‌توان این‌گونه استنباط کرد که هر جایگاه ژنی که دارای بیش‌ترین مقدار هتروزیگوسیتی مورد انتظار باشد، می‌تواند دارای بیش‌ترین مقدار PIC نیز باشد، که در این پژوهش نیز به همین صورت بود.

جدول ۲. خلاصه پارامترهای ژنتیک جمعیت جایگاه‌های ریزماهواره به تفکیک هر نشان‌گر ریزماهواره

جایگاه	N	Ne	Fis	Fit	Fst	Ho	He	PIC	I
VHL20	۱۲	۵/۹۵	-۰/۰۱	۰/۰۰	۰/۰۱	۰/۸۳	۰/۸۳	۰/۸۱	۱/۹۶
HTG4	۷	۳/۵۱	۰/۰۰	۰/۰۶	۰/۰۶	۰/۶۷	۰/۷۱	۰/۶۷	۱/۴۹
AHT4	۹	۴/۷۵	-۰/۰۳	-۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۸۰	۰/۷۹	۰/۷۶	۱/۷۴
HMS7	۸	۵/۰۱	۰/۰۰	۰/۰۲	۰/۰۳	۰/۷۸	۰/۸۰	۰/۷۷	۱/۷۳
AHT5	۱۰	۳/۷۶	-۰/۰۴	-۰/۰۱	۰/۰۲	۰/۷۴	۰/۷۳	۰/۶۹	۱/۵۴
HMS6	۸	۴/۳۴	-۰/۰۱	۰/۰۱	۰/۰۳	۰/۷۵	۰/۷۷	۰/۷۳	۱/۵۷
ASB23	۱۳	۵/۶۲	۰/۰۰	۰/۰۴	۰/۰۵	۰/۷۸	۰/۸۲	۰/۷۹	۱/۸۸
ASB2	۱۳	۴/۹۷	۰/۰۰	۰/۰۴	۰/۰۴	۰/۰۷	۰/۷۹	۰/۷۷	۱/۸۷
HTG10	۱۲	۴/۷۴	۰/۰۲	۰/۰۴	۰/۰۲	۰/۷۵	۰/۷۸	۰/۷۶	۱/۷۸
HMS3	۸	۴/۵۳	-۰/۰۱	۰/۰۳	۰/۰۵	۰/۷۵	۰/۷۸	۰/۷۴	۱/۶۷
ASB17	۱۹	۶/۴۵	۰/۰۰	۰/۰۳	۰/۰۲	۰/۸۱	۰/۸۴	۰/۸۳	۱/۲۱
Mean	۱۰/۸۱	۴/۸۸	-۰/۰۱	۰/۰۲	۰/۰۳	۰/۷۶	۰/۷۸	۰/۷۶	۱/۷۷
St.Dev	۳/۴۸	۰/۸۸	۰/۰۱	۰/۰۲	۰/۰۱	۰/۰۴	۰/۰۳	۰/۰۴	۰/۰۲

تعداد آلل مشاهده شده (N)، تعداد آلل مؤثر (Ne)، ضریب هم‌خونی (Fis, Fit, Fst)، هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He)، محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) و شاخص شانون (I).

تولیدات دامی

دوره ۲۳ ■ شماره ۲ ■ تابستان ۱۴۰۰

برای جایگاه مذکور مطابقت دارد. میانگین تعداد آلل مشاهده‌شده، آلل مؤثر، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و مورد انتظار و PIC به ترتیب برابر با ۰/۶۹، ۳/۷، ۰/۶۹، ۰/۷۱ و ۰/۶۵ گزارش شد که نشان می‌دهد تنوع ژنتیکی اسب‌های عرب ایران در پژوهش حاضر و اسب‌های عرب سوریه از تنوع ژنتیکی متفاوتی برخوردار هستند. برنامه Structure جهت بررسی ساختار ژنتیکی و آمیختگی در مجموعه داده‌های اسب‌های بومی به کار گرفته شد. با توجه به این‌که به طور دقیق تعداد نژادها و همین‌طور زیرجمعیت‌ها برای نمونه‌های مورد بررسی معین نیست، لذا دو پیمایش با افزودن تعداد از $K=2$ تا $K=10$ جهت بررسی ساختار جمعیتی در اسب‌های بومی ایران مورد استفاده قرار گرفت. در $K=2$ نژادهای عرب و دره‌شوری با یکدیگر و از طرفی نژادهای کاسپین و ترکمن با هم در خوشه‌های متمایز اما مشابه قرار گرفتند. نژاد کرد نیز از لحاظ ساختاری حد واسط جمعیت‌های مذکور قرار گرفت. در $K=3$ تشابه دو جمعیت کاسپین و کرد بیش‌تر شد و نژاد ترکمن نزدیک به دو جمعیت ذکر شده است اما با تشابه کم‌تر در گروهی جداگانه قرار گرفت.

پژوهش‌گران دیگری با بررسی جمعیت اسب‌های کشور کره جنوبی با استفاده از ۱۴ نشان‌گر ریزماهواره، دامنه PIC به دست‌آمده در جمعیت را ۰/۶۵۲ اعلام شد [۱۳]. در واقع هرچه آلل‌های قابل شناسایی در جمعیت مورد بررسی بیش‌تر باشد، میزان PIC بالاتر خواهد بود. در مطالعه‌ای که با اسب‌های نژاد کاسپین انجام شد آلل‌ها از شش تا ۱۲ متغیر بود و به‌طور میانگین ۸/۶۹ آلل به‌ازای هر جایگاه مشاهده شد. در پژوهش مذکور میانگین آلل مؤثر، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و مورد انتظار، PIC و Fis به ترتیب برابر با ۰/۸۶، ۰/۵۲، ۰/۸۲، ۰/۸۰ و ۰/۳۶ گزارش شد که در مقایسه با پژوهش حاضر از تنوع ژنتیکی بالایی برخوردار بودند [۲۰]. در مطالعه‌ای دیگر که روی اسب‌های عرب سوریه انجام گرفت، جایگاه ASB17 برای شاخص‌های تعداد آلل مؤثر، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و مورد انتظار و PIC دارای بیش‌ترین مقادیر بود که با پژوهش حاضر برای جایگاه مذکور مطابقت دارد [۱۲]. در پژوهش مذکور و با استفاده از ۱۶ نشان‌گر ریزماهواره، میانگین تعداد آلل مشاهده‌شده، آلل مؤثر، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و مورد انتظار و PIC دارای بیش‌ترین مقادیر بود که با پژوهش حاضر

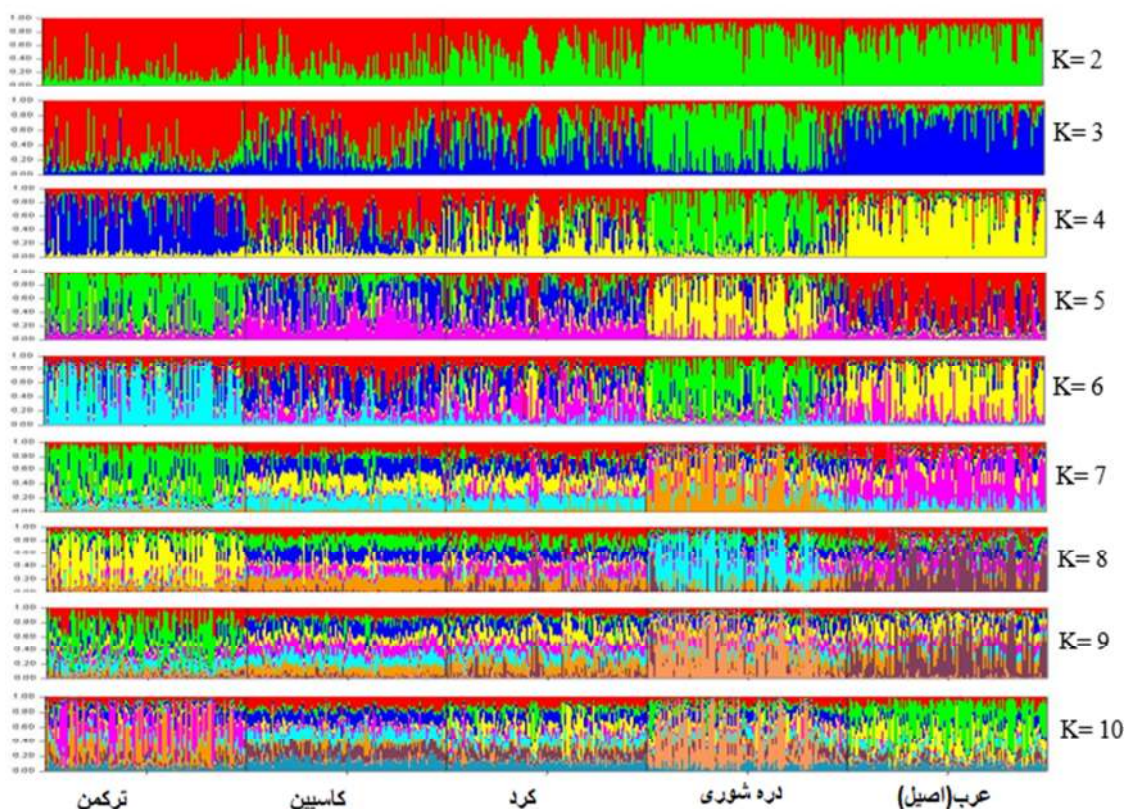
جدول ۳. خلاصه پارامترهای ژنتیک جمعیت جایگاه‌های ریزماهواره به تفکیک نژادهای مورد مطالعه

جمعیت		N	Ne	H _o	H _e	PIC	F	I	Ave-Het
ترکمن	Mean	۹/۱۸	۴/۴۳	۰/۶۸	۰/۶۵	۰/۷۷	-۰/۴۴	۱/۶۷	۰/۷۵
	(St. Dev)	(۲/۲۲)	(۱/۴۳)	(۰/۱۱)	(۰/۰۹)	(۰/۰۴)	(۰/۰۸)	(۰/۲۴)	(۰/۰۸)
کاسپین	Mean	۹/۱۸	۵/۱۴	۰/۶۷	۰/۶۹	۰/۷۷	۰/۲۹	۱/۸۲	۰/۸۰
	(St. Dev)	(۲/۲۲)	(۰/۸۶)	(۰/۰۷)	(۰/۰۶)	(۰/۰۴)	(۰/۰۵)	(۰/۱۶)	(۰/۰۳)
کرد	Mean	۹/۰۰	۴/۵۳	۰/۶۶	۰/۶۷۲	۰/۷۳	۰/۰۰	۱/۶۹	۰/۷۷
	(St. Dev)	(۲/۶۸)	(۰/۹۵)	(۰/۰۶)	(۰/۰۷)	(۰/۰۵)	(۰/۰۴)	(۰/۲۱)	(۰/۰۷)
دره شوری	Mean	۸/۰۰	۴/۴۵	۰/۶۵	۰/۶۵	۰/۷۲	۰/۰۰	۱/۶۲	۰/۷۵
	(St. Dev)	(۲/۴۴)	(۱/۴۳)	(۰/۰۷)	(۰/۰۷)	(۰/۰۹)	(۰/۰۱)	(۰/۲۷)	(۰/۰۷)
عرب (اصیل)	Mean	۷/۷۲	۳/۶۹	۰/۶۲	۰/۶۲	۰/۶۸	۰/۰۰	۱/۵۱	۰/۷۱
	(St. Dev)	(۱/۲۷)	(۰/۸۸)	(۰/۰۶)	(۰/۰۶)	(۰/۰۶)	(۰/۰۷)	(۰/۱۶)	(۰/۰۶)

تعداد آلل‌های مشاهده‌شده (N)، تعداد آلل مؤثر (Ne)، هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده (H_e)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (H_o)، محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC)، شاخص تثبیت رایت (F)، شاخص شانون (I) و میانگین هتروزیگوسیتی (Ave-Het).

شباهت ژنتیکی بین جمعیت ترکمن و عرب (۰/۷۵) برآورد شد. احتمالاً وجود جد مشترک، اختلاط مواد ژنتیکی در طول زمان، کاهش انتخاب و تعادل هاردی-واینبرگ و همچنین وجود شباهت‌های موفولوژیکی، تناسب اندام و سازگاری این دو نژاد در محیط‌های صعب‌العبور از دلایل شباهت ژنتیکی زیاد بین دو جمعیت کاسپین و کرد می‌باشد و تفاوت‌های موفولوژیکی و همچنین فاصله جغرافیایی دو جمعیت ترکمن و عرب نیز ممکن است باعث وجود تفاوت‌های ساختاری این جمعیت‌ها باشد. درخت فیلوژنی برای نشان‌دادن ارتباط میان جمعیت‌های به‌دست‌آمده در شکل (۲) نشان داده شده است.

نتایج به‌دست‌آمده از تفکیک لایه‌بندی جمعیت و آنالیز مؤلفه‌های اصلی حاکی از آن است که نژادهای عرب و دره‌شوری را می‌توان در یک گروه ژنتیکی در نظر گرفت و نژادهای کاسپین، کرد و ترکمن را در گروه‌های مجزا تصور کرد. نتایج حاصل از اولین سطح خوشه‌بندی $K=2$ منعکس‌کننده تقسیم‌بندی نژادها به دو گروه بود. در $K=5$ هر یک از نژادها در یک گروه متمایز قرار گرفتند. در پژوهش حاضر، فواصل ژنتیکی جمعیت‌های مورد مطالعه با استفاده از روش ناریب Nei [۱۷] برآورد شد و در جدول (۴) ارایه شده است. بیش‌ترین شباهت ژنتیکی بین جمعیت کاسپین و کرد (۰/۹۵) و کم‌ترین



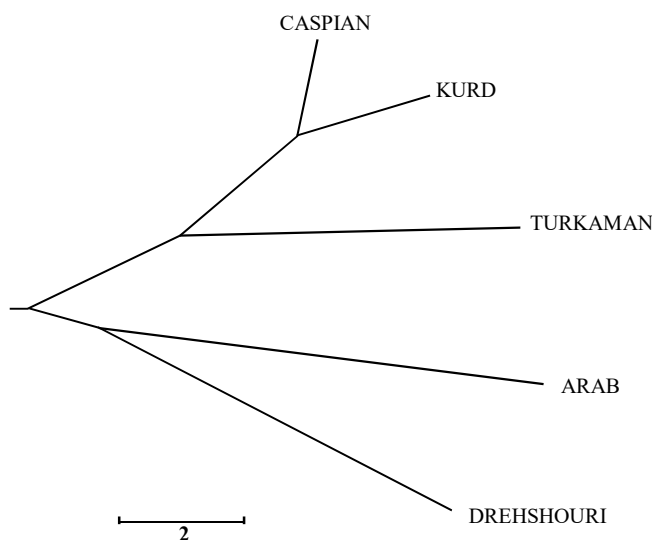
شکل ۱. میزان انتساب به خوشه‌های مختلف در مقدار مختلف بررسی شده از K (نمودارهای مربوط به برآوردهای مقادیر Q توسط نرم‌افزار Structure هر فرد با یک خط عمودی که به K قطعه رنگی تقسیم شده، نشان داده شده که طول آن نشان‌گر سهم هر کدام از K خوشه استنتاجی است. شماره‌های یک تا پنج، نشان‌گر جمعیت‌های از پیش تعیین شده می‌باشند.)

تولیدات دامی

جدول ۴. فواصل ژنتیکی بین کلیه جمعیت‌های اسب بومی ایران بر مبنای روش نائریب Nei

جمعیت	عرب (اصیل)	کاسپین	دره‌شوری	کرد	ترکمن
عرب (اصیل)	۱	۰/۸۵	۰/۸۶	۰/۹۲	۰/۷۵
کاسپین	۰/۱۵	۱	۰/۸۳	۰/۹۵	۰/۹۰
دره‌شوری	۰/۱۴	۰/۱۷	۱	۰/۸۸	۰/۸۰
کرد	۰/۰۸	۰/۰۴	۰/۱۲	۱	۰/۸۸
ترکمن	۰/۲۸	۰/۱۰	۰/۲۱	۰/۱۱	۱

شباهت ژنتیکی (اعداد بالای قطر) و فواصل ژنتیکی (اعداد زیر قطر) با استفاده از روش نائریب Nei.



شکل ۲. درخت Neighbour-joining به دست آمده برای جمعیت‌های اسب بومی ایران

مورد بررسی اسب ایرانی می‌توان نوعی تقسیم‌بندی جغرافیایی مشاهده کرد. در یک مطالعه گسترده که با استفاده از ۱۲ نشان‌گر ریزماهواره انجام شد، جمعیت اسب‌های نژاد کرد و عرب در یک گروه، ترکمن و کاسپین نیز هر کدام در یک گروه جداگانه جای گرفتند. اما فاصله ژنتیکی نژاد ترکمن با کرد و عرب کم‌تر از فاصله نژاد کاسپین با نژادهای مذکور بود. در مطالعه مذکور نژاد آخال‌تکه که یکی از زیرجمعیت‌های اسب ترکمن است نیز با اختلاف زیادی نسبت به نژادهای بومی ایران در گروه جداگانه‌ای قرار گرفت [۱۸].

در این مطالعه، ساختار ژنتیکی اسب‌های بومی ایران

در این پژوهش با استفاده از روش جفت گروهی غیروزنی با کمک میانگین حسابی (UPGMA) و پیوند هم‌جواری (NJ) فواصل ژنتیکی بین نژادی برآورد شد که جمعیت‌های کاسپین و کرد در یک گروه، جمعیت‌های عرب و دره‌شوری در یک گروه مجزا و جمعیت ترکمن در گروه متمایزی قرار گرفتند. با توجه به فرضیات پیشین و نتایج حاصل از این پژوهش شاید بتوان این موضوع را تأیید کرد که اسب‌های کاسپین و کرد شباهت زیادی به اسب‌های نسایی، که جد اسب‌های مذکور است دارند. اگر بتوان بین جمعیت کرد که در آن آمیختگی‌های ناخواسته صورت گرفته استثنا قایل شد، در بین سایر جمعیت‌های

- Berber N, Gaouar S, Leroy G, Kdidi S, Tabet Aouel N and Saidi Mehtar N (2014) Molecular characterization and differentiation of five horse breeds raised in Algeria using polymorphic microsatellite markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 131: 387-394.
- Binns MM, Holmes NG, Holliman A and Scott AM (1995) The identification of polymorphic microsatellite loci in the horse and their use in thoroughbred parentage testing. *British Veterinary Journal*. 151: 9-15.
- Breen M, Lindgren G, Binns MM, Norman J, Bell Z, Sandberg K and Ellegren H (1997) Genetical and physical assignments of equine microsatellites-first integration of anchored markers in horse genome mapping. *Mammalian Genome*. 8: 267-273.
- Ellegren H, Johansson M, Sandberg K and Andersson L (1992) Cloning of highly polymorphic microsatellites in the horse. *Animal Genetics* 23(2): 133-142.
- Excoffier L and Lischer HEL (2010) ARLEQUIN suite ver 3. 5: a new series of programs to perform population genetic analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10: 564-567.
- Guerin G, Bertaud M and Amigues Y (1994) Characterization of seven new horse microsatellites: HMS1, HMS2, HMS3, HMS5, HMS6, HMS7 and HMS8. *Animal Genetics*. 25(1): 62-62.
- Kalinowski ST, Taper ML and Marshall TC (2007) Revising how the computer program Cervus accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*. 16(5): 1099-1106.
- Khalili M (2009) Horse and my expertise. (ed. by M. Khalili), pp. 694. Nashr-e Zareh Publication, Iran.
- Khanahmadi AR, Rahimimianji Gh, Moradi-ShahreBabak H, Hafezian H, Zandi MB (2018a) Genomic scan for detection of selective sweeps in Turkmen horse population. *Research On Animal Production*, 9(19): 54-62.
- Khanahmadi AR, Rahimimianji Gh, Moradi-ShahreBabak H, Hafezian H, Zandi MB (2018b) Genomic Scan of Selective Signature in Kurd Horse. *Journal of Animal Environment*, 10(4): 119-128.
- Khanshour AM, Conant EK, Juras R and Cothran EG (2013) Microsatellite analysis for parentage testing of the Arabian horse breed from Syria. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*. 37:9-14.

تجزیه و تحلیل شد و تصویری را از روابط بین نژادهای ایرانی فراهم نمود. نتایج این پژوهش نشان داد که در بین تمام نژادهای مورد بررسی، جمعیت اسب کاسپین با وجود خطرات ناشی از انقراض نژادی، دارای تنوع ژنتیکی مناسبی نسبت به دیگر نژادهای مورد مطالعه داشت. با استفاده از نتایج به دست آمده مشخص شد که جمعیت اسب های کاسپین و کرد بیشترین شباهت را به یکدیگر و احتمال این که جد مشترک آنها، اسب نسایی باشد را بیش تر نمایان کرد. با توجه به آنالیزهای آماری و تفسیر نتایج به دست آمده مشخص شد که جمعیت های اسب بومی ایران از تنوع ژنتیکی بالایی برخوردار هستند. این پژوهش، روشی ساده برای آزمون صحت تعلق نژادی و تنوع درون نژادی ثبت شده را ارائه داد که لازم است از نتایج این پژوهش در برنامه های اصلاح نژادی و حفاظت ژنتیکی به منظور جلوگیری از اثرات منفی اطلاعات نادرست ثبت هویت و تشکیل پایه ژنتیکی برای هر یک از نژادها در کتاب تبارنامه گنجانده شود تا در آینده ذخایر ژنتیکی با درصد خلوص نژادی بالا در کشور باشیم.

تشکر و قدردانی

از پرسنل و کارشناسان محترم فدارسیون سوارکاری ایران که در تهیه نمونه های مو و داده های مربوط به این تحقیق ما را یاری کردند، تشکر و قدردانی می گردد.

تعارض منافع

هیچ گونه تعارض منافع توسط نویسندگان وجود ندارد.

منابع مورد استفاده

- Askari N, Abadi MM and Baghizadeh A (2011) ISSR markers for assessing DNA polymorphism and genetic characterization of cattle, goat and sheep populations. *Iranian Journal of Biotechnology*. 9: 222-229.

13. Lee SY and Cho GJ (2006) Parentage testing of Thoroughbred horse in Korea using microsatellite DNA typing. *Journal of Veterinary Science*. 7: 63-67.
14. Ling Y, Ma Y, Guan W, Cheng Y, Wang Y, Han J, Jin D, Mang L and Mahmut H (2010) Identification of Y chromosome genetic variation in Chinese indigenous horse breeds. *Journal of Heredity*. 101(5): 639-643.
15. Mahrous, KF, Hassanane, M, Mordy, MA, Shafey, HI and Hassan, N (2011) Genetic variations in horse using microsatellite markers. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*. 9: 103-9.
16. Marklund S, Ellegren H, Eriksson S, Sandberg K and Andersson L (1994) Parentage testing and linkage analysis in the horse using a set of highly polymorphic horse microsatellites. *Journal of Animal Genetics*. 25: 19-23.
17. Nei M (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89 (3): 583-590.
18. Ovchinnikov IV, Dahms T, Herauf B, McCann B, Juras R, Castaneda C and Cothran EG (2018) Genetic diversity and origin of the feral horses in Theodore Roosevelt National Park. *PLoS ONE*. 13 (8): e0200795.
19. Pritchard JK, M Stephens and P Donnelly (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
20. Shahsavarani H and Rahimi-Mianji G (2010) Analysis of genetic diversity and estimation of inbreeding coefficient within Caspian horse population using microsatellite markers. *African Journal of Biotechnology*. 9: 293-299.
21. Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A and Kumar S (2013) MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular biology and evolution*. 30(12): 2725-2729.
22. Vahdani Manaf MA, Mashayekhi MR, Hasanpour A, Ayubi MR (2017) Evaluation of the genetic diversity of Iranian Kurdish horses. *Journal of Animal science research (Agricultural Science)*, 27(1): 95-102. (in Persian).
23. Van Haeringen H, Bowling AT, Stott ML, Lenstra JA and Zwaagstra KA (1994) A highly polymorphic horse microsatellite locus: VHL20. *Animal Genetics* 25(3): 207-207.
24. Yeh FC, Yang RC and Boyle T (2000) POPGENE VERSION 1.32: Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis, University of Alberta. Canada.