

پویایی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های اسب عرب ایران

Dynamics of Genetic Diversity in Arabian Horse Populations of Iran

(DOI) شناسه دیجیتال

10.22092/ASJ.2025.370432.2511

نویسنده اول: حمیدرضا سیدآبادی

دانشیار، بخش تحقیقات بیوتکنولوژی، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج
کشاورزی، کرج، ایران

Name: Hamid Reza Seyedabadi

Associate Professor, Department of Biotechnology, Animal Science Research Institute,
Agricultural Research, Education and Extension Organization, Karaj, Iran

نویسنده دوم: شعله قربانی

دانشیار، بخش تحقیقات بیوتکنولوژی، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج
کشاورزی، کرج، ایران

Name: Sholeh Ghorbani

Associate Professor, Department of Biotechnology, Animal Science Research Institute,
Agricultural Research, Education and Extension Organization, Karaj, Iran.

نویسنده سوم: الهه رستم زاده مهدابی (نویسنده مسئول)

پژوهشگر، بخش تحقیقات بیوتکنولوژی، موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج
کشاورزی، کرج، ایران

Name: Elaheh Rostamzadeh Mahdabi

Scientific Researcher, Department of Biotechnology, Animal Science Research Institute,
Agricultural Research, Education and Extension Organization, Karaj, Iran.

Email: E_Rostamzadeh@uk.ac.ir

پویایی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های اسب عرب ایران

چکیده:

اسب عرب یکی از کهن‌ترین و اصیل‌ترین نژادهای اسب در جهان است که نقش مهمی در اصلاح نژاد سایر اسب‌ها ایفا کرده است. مطالعه حاضر با هدف بررسی پویایی تنوع ژنتیکی در جمعیت اسب عرب ایران طی پنج نسل متوالی (۱۹۹۸-۲۰۲۲) انجام شد. در مجموع ۱۴۸۶۵ رأس اسب از ۷ استان کشور نمونه‌برداری و ۱۱ نشانگر ریزماهواره استاندارد ISAG با روش Multiplex PCR آنالیز گردید. نتایج نشان‌دهنده سطح بالای تنوع ژنتیکی در کل جمعیت می‌باشد. نشانگرهای VHL20 و AHT4 با هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده ۰/۷۸۸ و ۰/۷۸۶ پایدارترین، و ASB2 کم‌تنوع‌ترین نشانگر شناسایی شد. میانگین تعداد آلل مشاهده‌شده 10.291 ± 0.331 بود که بالاترین مقدار مربوط به ASB17 با ۱۵/۶ و کمترین مقدار به HTG4 با ۷/۲ آلل اختصاص داشت. تحلیل روند نسلی، کاهش تعداد آلل (از ۱۰/۳۶۳ در نسل دوم به ۹/۹۰۹ در نسل پنجم) و هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده (از ۰/۷۱۳ در نسل دوم به ۰/۷۰۶ در نسل پنجم) را آشکار کرد. اگرچه تمایز ژنتیکی بین نسل‌ها ناچیز بود ($F_{st} \leq 0.05$)، ضریب همخوانی در نسل پنجم به ۰/۰۲۹ افزایش یافت. به طور کلی، جمعیت اسب عرب ایران از تنوع ژنتیکی بالا، ساختار جمعیتی پایدار و همگنی نسبی برخوردار است و مدیریت اصلاح نژاد مطلوب ارزیابی می‌شود. با این حال، روند کاهشی تنوع و افزایش همخوانی، ضرورت اعمال مدیریت ژنتیکی هدفمند و پایش مستمر را برای جلوگیری از کاهش بیشتر تنوع و تضمین پایداری و سلامت بلندمدت این نژاد برجسته می‌سازد. این مطالعه نخستین گزارش جامع از پویایی ژنتیکی نسل‌های متوالی اسب عرب ایران بوده و مبنای ارزشمندی برای تدوین راهبردهای حفاظت ژنتیکی فراهم می‌آورد.

کلمات کلیدی: اسب عرب؛ تنوع ژنتیکی؛ ریزماهواره؛ نسل.

Dynamics of Genetic Diversity in Arabian Horse Populations of Iran

Abstract

The Arabian horse is one of the oldest and most authentic horse breeds in the world, playing a significant role in the improvement of other horse breeds. The present study aimed to investigate the dynamics of genetic diversity in the Iranian Arabian horse population over five consecutive generations (1998–2022). A total of 14,865 horses from seven provinces of Iran were sampled, and 11 standard ISAG microsatellite markers were analyzed using the Multiplex PCR method. The results indicated a high level of genetic diversity across the entire population. Among the markers, VHL20 and AHT4, with observed heterozygosity values of 0.788 and 0.786, respectively, were the most stable, whereas ASB2 was identified as the least polymorphic marker. The mean number of observed alleles was 10.291 ± 0.331 , with the highest value recorded for ASB17 (15.6 alleles) and the lowest for HTG4 (7.2 alleles). Generational trend analysis revealed a decline in the number of alleles (from 10.363 in the second generation to

9.909 in the fifth generation) and in observed heterozygosity (from 0.713 in the second generation to 0.706 in the fifth generation). Although genetic differentiation between generations was negligible ($F_{st} \leq 0.05$), the inbreeding coefficient increased to 0.029 in the fifth generation. Overall, the Iranian Arabian horse population exhibits high genetic diversity, stable population structure, and relative homogeneity, and its breeding management is assessed as satisfactory. However, the observed decline in diversity and the increase in inbreeding highlight the necessity for targeted genetic management and continuous monitoring to prevent further loss of diversity and ensure the long-term sustainability and health of the breed. This study provides the first comprehensive report on the genetic dynamics of consecutive generations of the Iranian Arabian horse, offering a valuable basis for developing genetic conservation strategies.

Keywords: Arabian horse, genetic diversity, microsatellite, generation

مقدمه:

در میان بیش از ۵۰۰ نژاد اسب معروف در جهان (Petersen و همکاران، ۲۰۱۳؛ Schiettecatte و Zouache، ۲۰۱۷)، اسب عرب یکی از قدیمی‌ترین و شناخته‌شده‌ترین نژادهای اسب در جهان می‌باشد که سابقه‌ای بیش از سه هزار سال دارد و نقش مهمی در اصلاح نژادی سایر نژادهای اسب در سطح بین‌المللی ایفا کرده است. منشأ تاریخی این نژاد به احتمال زیاد بین‌النهرین یا شبه‌جزیره عربستان می‌باشد (Cosgrove و همکاران، ۲۰۲۰؛ Głazewska، ۲۰۱۰).

اسب‌های عرب از طریق جنگ‌ها و تجارت به بسیاری از نقاط جهان گسترش یافتند، جایی که به روش‌های مختلفی سازگار شدند و اسب عرب مدرن را به وجود آوردند. با توجه به این واقعیت که این نژاد یکی از معروف‌ترین نژادهای اسب در سراسر جهان است، برخی از کشورها سعی کرده‌اند نژاد خود را از اسب عرب ایجاد کنند. در نتیجه، چندین نوع منطقه‌ای متمایز، از جمله اسب عرب مصری، لهستانی، اسپانیایی و ایرانی پدیدار شده‌اند (Cervantes و همکاران ۲۰۰۸؛ Cosgrove و همکاران، ۲۰۲۰). در ایران، این نژاد به چندین زیرجمعیت مختلف تقسیم شده است که هر یک در مناطق مختلف کشور پرورش یافته و ویژگی‌های خاص خود را دارا می‌باشند.

اسب‌های عرب به عنوان نماد استقامت و کارایی در مسابقات با مسافت طولانی شناخته می‌شوند. این نژاد خارق‌العاده قادر است مسافت‌های حیرت‌انگیز تا ۱۶۰ کیلومتر را با سرعت متوسط ۲۰ کیلومتر بر ساعت طی کند. کلید این موفقیت در سه ویژگی فیزیولوژیک منحصربه‌فرد نهفته است: (۱) سیستم قلبی-عروقی بسیار توسعه‌یافته که اکسیژن‌رسانی بهینه را ممکن می‌سازد، (۲) مکانیسم‌های مؤثر تنظیم حرارت بدن که تحمل شرایط سخت آب‌وهوایی را فراهم می‌کند، و (۳) متابولیسم هوازی کارآمد که انرژی پایدار موردنیاز برای فعالیت‌های طولانی‌مدت را تأمین می‌نماید. این ویژگی‌های تکامل‌یافته، اسب عرب را به گزینه‌ای ایده‌آل برای مسابقات استقامتی تبدیل کرده است، جایی که می‌تواند به‌طور پیوسته و با حفظ تعادل فیزیولوژیک (همئوستازی)، وزن سوارکار را برای مدت‌زمانی حدود ۸ ساعت حمل کند. مطالعات نشان می‌دهد که این نژاد نه تنها در مسافت‌های

طولانی عملکرد ممتازی دارد، بلکه توانایی بازیابی سریع پس از فعالیتهای شدید را نیز دارا می باشد (Ricard و همکاران، ۲۰۱۷).

پراکندگی جغرافیایی این نژاد به ویژه در مناطق مختلف خاورمیانه منجر به شکل گیری جمعیت هایی با تنوع ژنتیکی قابل توجه شده است (Cosgrove و همکاران، ۲۰۲۰). تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت از ارکان اساسی در طراحی برنامه های حفاظتی و مدیریت پایدار محسوب می شوند و داشتن اطلاعات دقیق در این زمینه ها برای تدوین راهبردهای مؤثر امری ضروری است (Notter، ۱۹۹۹). نشانگرهای ژنتیکی مختلفی مانند DNA میتوکندریایی، ریزماهورها (Microsatellites) و چندشکلی های تک نوکلئوتیدی (SNPs) برای اندازه گیری تنوع ژنتیکی و ارزیابی فرآیندهای تکامل نژادهای اسب استفاده شده اند (Al Abri و همکاران، ۲۰۲۱؛ Almarzook و همکاران، ۲۰۱۷؛ Machmoum).

و همکاران، ۲۰۲۰). استفاده از مطالعات ژنتیکی بر پایه نشانگرهای مولکولی ریزماهورها، ابزار قدرتمند و کم هزینه برای بررسی تنوع ژنتیکی، پایش همخوانی و شناسایی ساختار جمعیتی و هدایت برنامه های اصلاح نژاد فراهم کرده اند (Ellegren، ۲۰۰۴). نشانگرهای ریزماهور به دلیل چندشکلی بالا، توزیع مناسب در سراسر ژنوم، و سهولت استفاده در تکنیک های PCR، به عنوان ابزار مرجع توسط ISAG در پروژه های مربوط به اسب به کار گرفته شده اند.

(Al Abri و همکاران، ۲۰۲۱؛ Głazewska و همکاران، ۲۰۱۸؛ Machmoum و همکاران، ۲۰۲۰؛ Ellegren، ۲۰۰۴).

مطالعات متعددی در ایران و سایر کشورها به بررسی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی تیره های مختلف اسب عرب با استفاده از نشانگرهای ریزماهور پرداخته اند (Almarzook و همکاران، ۲۰۲۲؛ سیدآبادی و همکاران، ۱۴۰۲). با این حال، اغلب این پژوهش ها ماهیتی مقطعی داشته و پویایی تغییرات ژنتیکی در نسل های متوالی را مورد توجه قرار نداده اند. تحلیل روند تغییرات ژنتیکی در طول نسل ها می تواند تصویری روشن از تحول شاخص هایی نظیر تعداد آلل ها، میزان هتروزیگوسیتی و ضریب همخوانی ارائه کرده و شواهد ارزشمندی در زمینه پایداری و سلامت ژنتیکی جمعیت فراهم آورد. اهمیت این موضوع در دو بعد اصلی قابل تبیین است: نخست، سازگاری با شرایط محیطی و حفظ توان بقا و تولیدمثل در بلندمدت (Janova و همکاران، ۲۰۱۳) و دوم، نقش حیاتی در حفاظت ژنتیکی به عنوان راهبردی کلیدی برای پیشگیری از کاهش تنوع و کاهش خطر انقراض تدریجی (Hunter، ۲۰۲۳).

بر همین اساس، پژوهش حاضر با هدف پر کردن این خلأ علمی و ارائه نخستین ارزیابی جامع از تغییرات تنوع ژنتیکی در نسل های متوالی اسب عرب ایران طراحی شد. این مطالعه با بهره گیری از ۱۱ نشانگر ریزماهوری، روند

تغییرات ژنتیکی طی پنج نسل را مورد بررسی قرار داده است. نتایج حاصل می‌تواند مبنای علمی ارزشمندی برای تدوین سیاست‌های حفاظتی، بهینه‌سازی برنامه‌های اصلاح‌نژاد و تضمین پایداری ژنتیکی این نژاد اصیل و تاریخی فراهم آورد.

مواد و روش‌ها

نمونه‌برداری و استخراج DNA

در این مطالعه، تعداد ۱۴۸۶۵ رأس اسب عرب متعلق به استان‌های خوزستان (۹۲۳۹)، یزد (۲۰۵۲)، کرمان (۱۲۲۰)، تهران و البرز (۱۰۵۰)، اصفهان (۷۵۴) و لرستان (۵۵۰) مورد بررسی قرار گرفتند. نمونه‌های زیستی از ریشه مو بخش یال اسب‌ها جمع‌آوری و به آزمایشگاه موسسه تحقیقات علوم دامی کشور منتقل شد. استخراج DNA ژنومی با استفاده از کیت تجاری Direct PCR Kit و بر اساس پروتکل سازنده انجام گرفت. ارزیابی کمی و کیفی DNA استخراج‌شده با استفاده از اسپکتروفتومتری نانودراپ و الکتروفورز ژل آگارز ۱٪ صورت گرفت.

نشانگرهای ژنتیکی و واکنش PCR

جهت تعیین ژنوتیپ، ۱۱ نشانگر ریزماهواره مورد تأیید انجمن بین‌المللی ژنتیک حیوانات (ISAG) انتخاب شدند. تکثیر قطعات DNA با استفاده از کیت COReDIS Horse Reagent Kit (Moscow, Russia) و تکنیک Multiplex PCR انجام شد. جزئیات جایگاه‌ها، شماره کروموزوم، محدوده اندازه آلل و شماره دسترسی NCBI مربوط به هر نشانگر در جدول ۱ ارائه شده‌اند.

جدول ۱: نام نشانگر، شماره کروموزوم و اندازه آلل مربوط به ۱۱ نشانگر ریزماهواره

شماره دسترسی	(bp) اندازه آلل	کروموزوم	نشانگر
Y07733	۱۴۴-۱۶۴	۲۴	AHT4
Y07732	۱۲۶-۱۴۴	۸	AHT5
X93531	۸۷-۱۲۹	۱۵	ASB17
X93516	۲۱۶-۲۵۰	۲	ASB2
Y93537	۱۷۵-۲۱۱	۳	ASB23
X74632	۱۴۸-۱۷۰	۹	HMS3
X74635	۱۵۱-۱۶۹	۴	HMS6
X74636	۱۶۵-۱۸۵	۱	HMS7
AF169294	۹۵-۱۱۵	۲۱	HTG10
AF169165	۱۲۷-۱۳۹	۹	HTG4

ترکیبات مورد استفاده در واکنش PCR با غلظت‌های نهایی شامل موارد زیر بود: بافر PCR با غلظت X1 ، MgCl_2 با غلظت ۲ میلی‌مولار، مخلوط پرایمرهای فرووارد (Forward) و ریورس (Reverse) هر کدام با غلظت ۰/۲۵ میکرومولار، dNTPها با غلظت ۲۰۰ میکرومولار، آنزیم Taq DNA پلیمرز به مقدار ۱ واحد در هر واکنش، و DNA به مقدار ۱۰ نانوگرم در هر واکنش مورد استفاده قرار گرفت. حجم نهایی واکنش با افزودن آب مقطر (ddH_2O) به ۱۵ میکرولیتر تنظیم شد. این ترکیبات با دقت اندازه‌گیری شده و در شرایط استریل برای دستیابی به نتایج بهینه و قابل تکرار آماده شدند. توجه به غلظت دقیق هر یک از اجزاء، به ویژه پرایمرها و MgCl_2 ، برای عملکرد صحیح واکنش و جلوگیری از خطاهای احتمالی ضروری است. پروتکل حرارتی واکنش Multiplex PCR شامل مراحل زیر می‌باشد: ابتدا مرحله دناتوراسیون اولیه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۰ دقیقه انجام شد تا DNA دو رشته‌ای کاملاً جدا شود. سپس چرخه‌های تکرار شونده (۳۰ چرخه) شامل دناتوراسیون در ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، اتصال پرایمرها در ۵۸ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱ دقیقه و تکثیر DNA در ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱ دقیقه اجرا شد. در نهایت، مرحله بسط نهایی در ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۰ دقیقه انجام گردید تا سنتز تمامی قطعات DNA تکمیل شود.

دسته‌بندی نسلی و تحلیل داده‌ها

اسب‌ها بر اساس سال تولد، در بازه زمانی ۱۹۹۸ تا ۲۰۲۲ (مطابق با ۲۴ سال)، در پنج گروه نسلی ($G1$ تا $G5$) طبقه‌بندی شدند. بازه زمانی دقیق مربوط به هر نسل در جدول ۲ ارائه شده است. تحلیل داده‌های ژنتیکی با استفاده از نرم‌افزار تخصصی GenAlEx نسخه ۶.۵ انجام پذیرفت. این نرم‌افزار که به صورت یک افزونه (Add-in) در محیط Microsoft Excel عمل می‌کند، برای محاسبه پارامترهای کلاسیک تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار گرفت. پارامترهای محاسبه شده شامل موارد زیر بودند: تعداد آلل مشاهده شده (Na)، تعداد آلل مؤثر (Ne)، شاخص شانون (I)، هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho) و هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) همچنین، ضرایب همخوانی (Fis) و (Fit) و ضریب تمایز بین جمعیتی (Fst) بر اساس مدل رایت (Wright) برآورد شدند. علاوه بر این، به منظور تحلیل ساختار ژنتیکی و تعیین سطح تمایز بین گروه‌های نسلی، ماتریس فاصله ژنتیکی نی (Nei's Genetic Distance) و مقادیر Fst زوجی بین نسل‌ها محاسبه و استخراج گردید.

تعداد آلل مؤثر (Ne)، که نشان‌دهنده تعداد آلل‌های با فراوانی یکسان در یک مکان ژنی است که همان سطح هتروزیگوسیتی مشاهده شده را تولید می‌کنند، از فرمول زیر محاسبه شد:

$$Ne = 1 / (\sum p_i^2)$$

که در آن p_i فراوانی آلل i ام در آن مکان ژنی خاص است

شاخص شانون (I)، که حساسیت بیشتری به فراوانی آلل‌های نادر دارد و هم‌زمان غنای آللی و یکنواختی فراوانی

آن‌ها را اندازه می‌گیرد، با استفاده از فرمول زیر برآورد شد:

$$I = -1 * \sum (p_i * \ln(p_i))$$

که در آن p_i فراوانی آلل i ام است.

جدول ۲: تعداد نمونه و گروه‌های مورد استفاده در تحقیق حاضر

تعداد نمونه	نسل	گروه
۹۳۵	۱۹۹۸-۲۰۰۲	G1
۱۵۳۱	۲۰۰۳-۲۰۰۷	G2
۳۳۳۵	۲۰۰۸-۲۰۱۲	G3
۵۲۴۱	۲۰۱۳-۲۰۱۷	G4
۳۸۲۳	۲۰۱۸-۲۰۲۲	G5

نتایج و بحث

نتایج آنالیز ۱۱ نشانگر ریزماهواره‌ای در پنج نسل متوالی از اسب‌های عرب ایران نشان داد که سطح بالایی از تنوع ژنتیکی در این جمعیت حفظ شده است، اگرچه برخی شاخص‌ها روند کاهشی ملایمی در نسل‌های اخیر نشان می‌دهند.

تنوع آللی و شاخص‌های کلاسیک ژنتیکی

تعداد آلل‌ها در هر جایگاه ژنی، معیاری ساده و رایج برای سنجش تنوع ژنتیکی است و در برخی موارد، ممکن است از هتروزیگوسیتی ژنتیکی مفیدتر باشد (Plante و همکاران، ۲۰۰۷). در مطالعه حاضر، مجموع تعداد کل آلل‌های مشاهده شده (Na) ۱۲۹ آلل بدست آمد. میانگین تعداد آلل مشاهده شده در سطح نسبتاً بالای ۱۰/۲۹۱±۰/۳۳۱ در کل جمعیت بود. این مقادیر بالاتر از تخمین‌های گزارش شده در بسیاری از جمعیت‌های دیگر اسب عرب است. برای نمونه: میانگین تعداد آلل مشاهده شده در لاین‌های پدری اسب عرب بلغاری (Hristov و همکاران، ۲۰۲۴) برابر با ۵/۱۹، در تیره‌های مختلف اسب‌های عرب ایران برابر با ۶/۰۴۷ (بادپرین و همکاران، ۱۴۰۱)، در جمعیت‌های مختلف اسب‌های عرب برابر با ۱۱/۳ (سیدآبادی و همکاران، ۱۴۰۲) و در اسب عرب

مصری برابر با ۸/۸۷ (Sargious و همکاران، ۲۰۲۱) بود. این اختلاف می‌تواند به دلیل حجم نمونه بزرگ‌تر (۱۴۸۶۵) و پراکندگی جغرافیایی وسیع‌تر در این مطالعه می‌باشد.

همانطور که در شکل ۱ نشان داده شده بیشترین میانگین تعداد آلل مشاهده شده متعلق به نشانگر ASB17 (۱۵/۶) بود که از ۱۴ تا ۱۷ آلل در سراسر پنج جمعیت متغیر بود (شریفی و همکاران، ۱۳۹۸). مقادیر پایین‌تری را برای این نشانگر در اسب‌های کاسپین، عرب و تالشی و بادبرین و همکاران (۱۴۰۱) در اسب عرب و تیره‌های مختلف آن گزارش کردند که می‌تواند به دلیل ساختار جمعیت و تعداد نمونه کمتر نسبت به تحقیق حاضر باشد. از طرف دیگر، میانگین کمترین مقدار Na در نشانگر HTG4 (۷/۲) مشاهده شد که از اسب‌های قزاقستان بالاتر بود (Orazymbetova و همکاران، ۲۰۲۳).

جدول ۳: مقادیر میانگین شاخص‌های تنوع ژنتیکی در ۵ نسل مختلف نژاد اسب عرب

جمعیت	Na (±SE)	Ne (±SE)	I (±SE)	Ho (±SE)	He (±SE)	F (±SE)
نسل اول	۱۰/۰۹۱ (۰/۶۶۷)	۳/۹۲۵ (۰/۲۳۲)	۱/۵۷۲ (۰/۰۴۵)	۰/۷۲ (۰/۰۱۷)	۰/۷۳۶ (۰/۰۱۷)	۰/۰۲۲ (۰/۰۰۸)
نسل دوم	۱۰/۶۳۶ (۰/۸۴۵)	۳/۹۰۴ (۰/۲۴)	۱/۵۶۴ (۰/۰۴۳)	۰/۷۱۳ (۰/۰۲)	۰/۷۳۳ (۰/۰۱۷)	۰/۰۲۸ (۰/۰۰۶)
نسل سوم	۱۰/۷۲۷ (۰/۸۳۲)	۳/۸۵۴ (۰/۲۵۲)	۱/۵۴۶ (۰/۰۴۴)	۰/۷۱۸ (۰/۰۱۹)	۰/۷۲۸ (۰/۰۱۹)	۰/۰۱۳ (۰/۰۰۶)
نسل چهارم	۱۰/۰۹۱ (۰/۷۴۴)	۳/۸۷۳ (۰/۲۴۳)	۱/۵۴۷ (۰/۰۴۴)	۰/۷۱۹ (۰/۰۱۹)	۰/۷۳ (۰/۰۲)	۰/۰۱۵ (۰/۰۰۳)
نسل پنجم	۹/۹۰۹ (۰/۷۵۶)	۳/۸۶۱ (۰/۲۵۶)	۱/۵۴۲ (۰/۰۴۷)	۰/۷۰۶ (۰/۰۲۱)	۰/۷۲۸ (۰/۰۲۱)	۰/۰۲۹ (۰/۰۰۷)

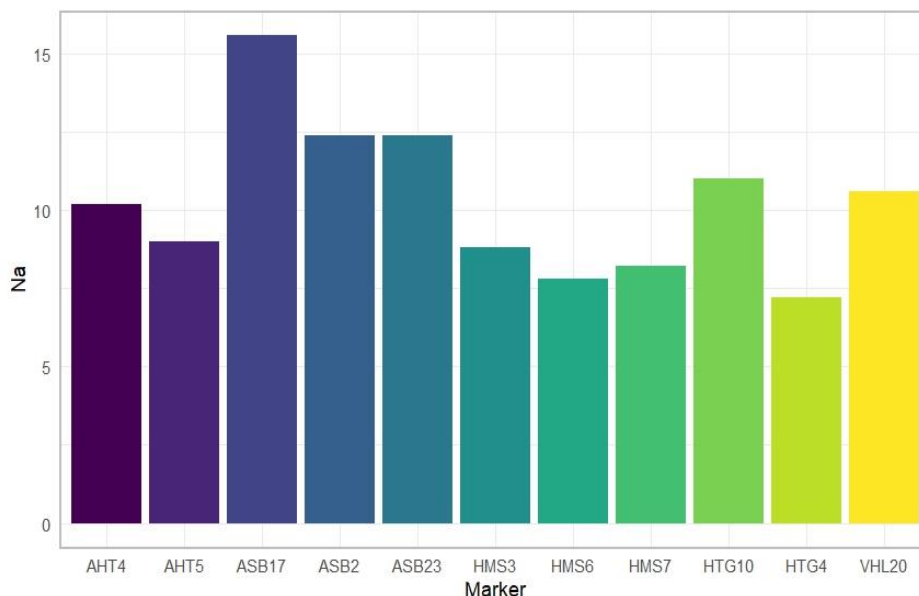
تعداد آلل مشاهده شده (Na)، تعداد آلل مؤثر (Ne)، شاخص شانون (I)، هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho) و مورد انتظار (He) و ضریب همخوانی (F).

تعداد آلل مؤثر نشان‌دهنده تعداد فرضی آلل‌های با فراوانی یکسان است که هتروزیگوسیتی مشاهده شده را ایجاد می‌کند. این معیار در برابر آلل‌های نادر و حجم نمونه، حساسیت کمتری نسبت به تعداد آلل مشاهده شده دارد (Hedrick، ۲۰۰۹). در مطالعه حاضر میانگین آلل مؤثر (Ne) برابر با $3/883 \pm 0/105$ مشاهده شد که بیشتر از اسب‌های عرب لهستانی (۳/۶۰) و صحرایی (Sargious و همکاران، ۲۰۲۱؛ Machmoum و همکاران،

۲۰۲۰) و پایین تر از اسب‌های عرب مصری (۴/۱۴) می‌باشد (Almarzook و همکاران، ۲۰۲۲). این تفاوت احتمالاً ناشی از عوامل مختلفی از جمله حجم بالای نمونه‌برداری در جمعیت اسب عرب ایرانی، گستردگی جغرافیایی و وجود خرده‌جمعیت‌های متعدد، تبادل ژنی میان آن‌ها، و همچنین شدت انتخاب کمتر نسبت به جمعیت‌های اصلاح‌شده خارجی باشد. چنین شرایطی سبب حفظ و بروز تنوع ژنتیکی بالاتر در اسب عرب ایرانی شده و در نتیجه میانگین آلل مؤثر بیشتری نسبت به برخی جمعیت‌های خارجی مشاهده گردید.

نشانگر VHL20 نیز با بیشترین تعداد آلل مؤثر ($Ne = 5/006$)، بالاترین سطح تنوع ژنتیکی را در بین نشانگرهای مورد بررسی نشان داد (جدول ۴) با این حال پایین‌تر از مقادیر گزارش شده در اسب کردی بود (Seyedabadi و Emrani، ۲۰۲۴). در مقابل، نشانگر HTG4 با کمترین مقادیر Ne (۳/۵) پایین‌ترین تنوع را داشت که با یافته‌های مطالعات گذشته در اسب‌های بومی ایرانی (عبدلی و همکاران، ۱۴۰۰) و اسب قزاقستان (Orazymbetova و همکاران، ۲۰۲۳) همخوانی دارد و می‌تواند نشان‌دهنده جایگاه در ناحیه ژنی حفاظت شده یا تحت فشار انتخابی باشد.

بررسی روند نسلی، کاهش خفیف در تنوع ژنتیکی را نشان داد؛ به طوری که متوسط تعداد آلل مشاهده‌شده از ۱۰/۶۳۶ در نسل دوم به ۹/۹۰۹ در نسل پنجم کاهش یافت (جدول ۳). همچنین، شاخص شانون و تعداد آلل مؤثر نیز روندی نزولی داشتند که ممکن است ناشی از استفاده مکرر از نریان‌های منتخب و کاهش اندازه مؤثر جمعیت باشد.



شکل ۱: توزیع میانگین تعداد آلل مشاهده شده (Na) در ۱۱ نشانگر ریزماهواره در جمعیت‌های اسب عرب ایران

میانگین شاخص اطلاعاتی شانون در جمعیت‌های مورد بررسی $1/554 \pm 0/019$ بدست آمد که با گزارش سیدآبادی و همکاران (۱۴۰۲) در اسب‌های عرب (۱/۵۸) تقریباً هم‌راستا است. بیشترین مقدار شاخص در جایگاه AHT4 با مقدار ۱/۷۸۷ مشاهده شد که مشابه یافته پیشین در اسب عرب ایران (۱/۸۰) (سیدآبادی و همکاران، ۱۴۰۲) بود که می‌تواند نشان‌دهنده تنوع ژنی بالای این نشانگر است. پس از آن بیشترین مقدار مربوط به نشانگر VHL20 ($I = 1/745$) بود (جدول ۴). با این حال، شریفی و همکاران (۱۳۹۸) مقدار شاخص شانون بالاتری را در نشانگر VHL20 (۱/۹۶) گزارش کردند. پایین‌ترین مقدار این شاخص متعلق به نشانگر ASB2 ($I = 1/374$) بود که با مطالعات پیشین در اسب‌های عرب ایران مطابقت داشت (شریفی و همکاران، ۱۳۹۸). به نظر می‌رسد این موضوع ناشی از توزیع نابرابر فراوانی آلل‌ها در این جایگاه باشد؛ به گونه‌ای که یک یا چند آلل دارای فراوانی غالب بوده و سایر آلل‌ها با بسامد کمتری حضور دارند.

جدول ۴: تعداد آلل موثر (Ne)، شاخص شانون (I)، ضریب همخوانی (F)

نشانگر	نمونه تعداد	Ne	I	F
AHT4	۲۹۶۴/۴	۴/۹۹۳	۱/۷۸۷	۰/۰۱۷
	(۷۷۶/۸۳۴)	(۰/۰۴۳)	(۰/۰۰۸)	(۰/۰۰۷)
AHT5	۲۹۶۳/۴	۳/۴۵۹	۱/۴۸۲	۰/۰۲۵
	(۷۷۶/۶۱۸)	(۰/۰۴۱)	(۰/۰۰۷)	(۰/۰۰۶)
ASB17	۲۹۴۸/۶	۴/۲۸۱	۱/۷	۰/۰۰۲
	(۷۸۷/۳۴۴)	(۰/۰۹۹)	(۰/۰۲۱)	(۰/۰۰۷)
ASB2	۲۹۶۷/۶	۲/۵۱۶	۱/۳۷۴	۰/۰۰۶
	(۷۸۱/۶۱۳)	(۰/۰۷۶)	(۰/۰۲۲)	(۰/۰۰۱)
ASB23	۲۹۴۹/۸	۲/۸۵۴	۱/۴۰۷	۰/۰۳۸
	(۷۸۵/۱۵۵)	(۰/۰۶۴)	(۰/۰۱۷)	(۰/۰۱۱)
HMS3	۲۹۶۴/۶	۳/۶۷۷	۱/۴۶۵	۰/۰۳۱
	(۷۸۰/۳۴۱)	(۰/۰۶۹)	(۰/۰۱۵)	(۰/۰۰۸)
HMS6	۲۹۷۱/۴	۴/۳۶۲	۱/۵۷۴	۰/۰۴۲
	(۷۸۲/۱۳۱)	(۰/۰۶۲)	(۰/۰۱۱)	(۰/۰۰۷)
HMS7	۲۹۷۰/۸	۳/۶۹۴	۱/۵۱۱	۰/۰۱۸
	(۷۸۰/۹۹۹)	(۰/۰۰۶)	(۰/۰۱۳)	(۰/۰۰۹)

HTG10	۲۹۶۸/۶	۴/۳۵۲	۱/۶۴۸	۰/۰۰۹
	(۷۸۰/۶۰۵)	(۰/۰۶۳)	(۰/۰۱۸)	(۰/۰۰۸)
HTG4	۲۹۵۹/۴	۳/۵۲۴	۱/۴۰۳	۰/۰۳۱
	(۷۷۵/۲۵۹)	(۰/۰۳۹)	(۰/۰۱۷)	(۰/۰۰۸)
VHL20	۲۹۷۲/۰	۵/۰۰۶	۱/۷۴۵	۰/۰۱۵
	(۷۸۲/۰۵۳)	(۰/۰۳۱)	(۰/۰۱)	(۰/۰۰۷)

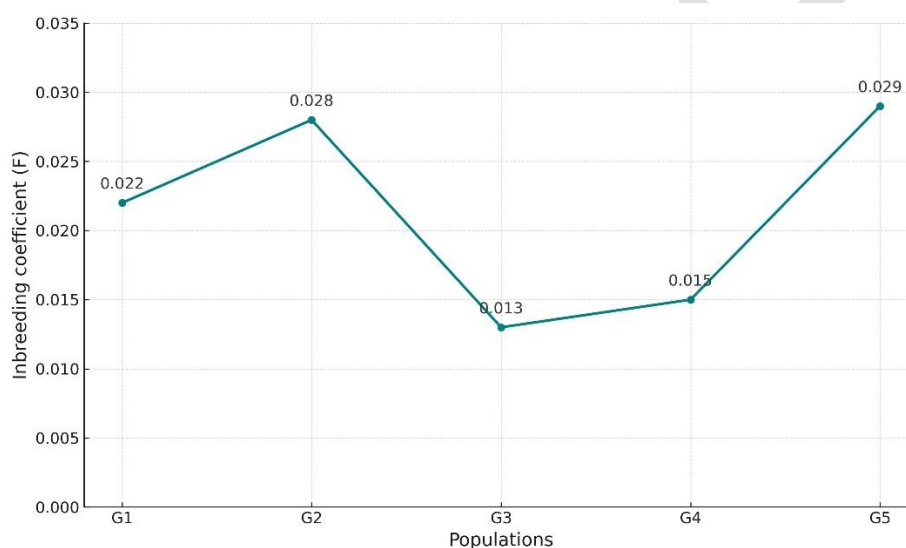
تعداد آلل مؤثر (Ne)، شاخص شانون (I) و ضریب همخوانی (F).

هتروزیگوسیتی و تنوع ژنتیکی

فاصله اندک بین He و Ho می‌تواند نشان‌دهنده حفظ تعادل نسبی ژنتیکی در بیشتر جایگاه‌های ژنی باشد. مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده (Ho) برای کل جمعیت برابر با ۰/۷۱۵ و هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) برابر با ۰/۷۳۱ مشاهده شد. این مقادیر با نتایج مطالعات انجام شده با ۱۲ نشانگر ریزماهواره در اسب‌های عرب سوریه (Ho=۰/۶۹، He=۰/۷۲۲) همخوانی داشتند (Almarzook و همکاران، ۲۰۲۲) و نسبت به مقادیر ثبت‌شده در جمعیتی از اسب‌های عرب ایران با نشانگرهای مشابه (Ho=۰/۶۲، He) بالاتر هستند (عبدلی و همکاران، ۱۴۰۰). با اینحال، این میزان هتروزیگوسیتی پایین‌تر از مقادیر گزارش شده برای اسب کرد ایرانی با استفاده از ۱۲ نشانگر (Ho=۰/۷۷۴، He=۰/۷۷۴) می‌باشد (Amjadi و همکاران، ۲۰۲۱) که احتمالاً نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی کمتر اسب عرب نسبت به نژاد کردی باشد. میانگین ضریب همخوانی در همه نسل‌ها پایین بود و در بازه ۰/۰۱۳ تا ۰/۰۲۹ قرار داشت. افزایش ضریب همخوانی در نسل‌های G2 و به‌ویژه G5، با وجود جمعیت نسبتاً بزرگ، نشان‌دهنده احتمال وقوع جفت‌گیری‌های هدفمند یا کاهش اندازه مؤثر جمعیت می‌باشد. کاهش همخوانی در نسل‌های میانی (G3 و G4) ممکن است ناشی از ورود افراد جدید به جمعیت باشد. با این حال، هم‌زمانی کاهش هتروزیگوتی با افزایش ضریب همخوانی در G5 (شکل ۲ و جدول ۳) هشداردهنده بوده و می‌تواند نشانه خطر برای نسل‌های آینده جمعیت باشد. روند افزایشی ضریب همخوانی در نسل پنجم، هرچند هنوز در محدوده پایین قرار دارد، در صورت ادامه یافتن، ممکن است پیامدهای نامطلوبی به همراه داشته باشد. مطالعات پیشین در گونه‌های مختلف نشان داده‌اند که حتی سطوح پایین همخوانی نیز می‌تواند بر سلامت، باروری و کارایی جمعیت اثر منفی بگذارد (قربانی و عمرانی، ۱۳۹۹؛ Chaudhari و همکاران، ۲۰۲۳). این موضوع در اسب نیز گزارش شده است؛ به‌طور مثال، در نژاد تروبرد افزایش همخوانی با بالا رفتن میزان سقط جنین و کاهش موفقیت آبستنی ارتباط داشته است (Lawson و همکاران، ۲۰۲۴).

همچنین در نژاد اسب بارکش جنگل سیاه (BFDH)، همخونی باعث کاهش معنی‌دار نرخ تولد کره شده است (Müller-Unterberg و همکاران، ۲۰۱۷).

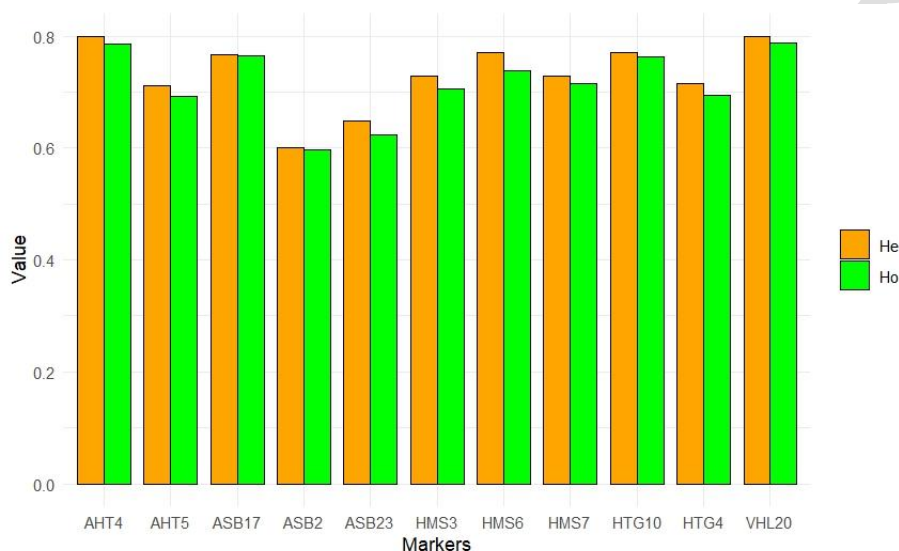
علاوه بر این، افزایش سطح همخونی با کاهش مقاومت در برابر بیماری‌ها نیز همراه می‌باشد. به‌طور مثال، Vostry و همکاران (۲۰۲۱) نشان دادند که افزایش همخونی در اسب‌های Old Kladruher با شیوع بیشتر بیماری حساسیت به نیش حشرات (IBH) ارتباط دارد. به بیان دیگر، همخونی نه تنها مقاومت در برابر بیماری را کاهش می‌دهد، بلکه آسیب‌پذیری جمعیت را نیز افزایش می‌دهد. این موضوع اهمیت مدیریت ژنتیکی مناسب برای کاهش اثرات منفی همخونی در جمعیت‌های اسب عرب را برجسته می‌سازد.



شکل ۲: روند تغییرات همخونی در ۵ نسل متوالی اسب عرب

در بررسی شاخص‌های تنوع ژنتیکی بر مبنای هر یک از نشانگرهای ریزماهواره‌ای، نشانگر VHL20 و AHT4 بالاترین میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده را نشان دادند (به ترتیب ۰/۷۸۸ و ۰/۷۸۶) که نشان‌دهنده تنوع بالای ژنی در بین افراد نمونه‌گیری شده است (بادبرین و همکاران، ۱۴۰۱). در مقابل، نشانگر ASB2 با هتروزیگوسیتی مشاهده شده برابر با ۰/۵۹۷ پایین‌ترین مقدار را نشان داد (شکل ۳). در مطالعات پیشین جمعیت‌های مختلف اسب عرب، بیشترین و کمترین هتروزیگوسیتی مشاهده شده به ترتیب در نشانگر AHT4 (۰/۷۸۶ و ۰/۷۸۸) و ASB2 (۰/۶۳۶ و ۰/۶۱۳) گزارش شده است (بادبرین و همکاران، ۱۴۰۱؛ سیدآبادی و همکاران، ۱۴۰۲) که با مطالعه ما همخوانی دارد. علاوه بر این، نتایج مشابهی در نشانگر AHT4 در اسب‌های عرب سوریه و مصری مشاهده شد.

(Almarzook و همکاران، ۲۰۲۲؛ Sargious و همکاران، ۲۰۲۱) در این مطالعه، بالاترین میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار مربوط به نشانگر VHL20 (۰/۸) و کمترین مقدار ASB2 در نشانگر (۰/۶۰۱) مشاهده شد. این الگو از یک سو با گزارش‌های مربوط به جمعیت‌های اسب عرب ایران همخوانی نشان داد (سیدآبادی و همکاران، ۱۴۰۲)، اما از سوی دیگر با یافته‌های حاصل از مطالعات اسب‌های عرب مصری و روسی مغایرت داشت (Almarzook و همکاران، ۲۰۲۲؛ Sargious و همکاران، ۲۰۲۱). این اختلافات عمدتاً ناشی از تفاوت در ساختارهای ژنتیکی ذاتی جمعیت‌ها، تمایز در اهداف اصلاحی (حفظ ذخایر ژنتیکی بومی در مقابل انتخاب هدفمند برای صفات عملکردی یا ظاهری)، و استراتژی‌های پرورشی متمایز شامل سیاست‌های جفت‌گیری، مبادلات نژادی و انزوای جغرافیایی می‌باشد.



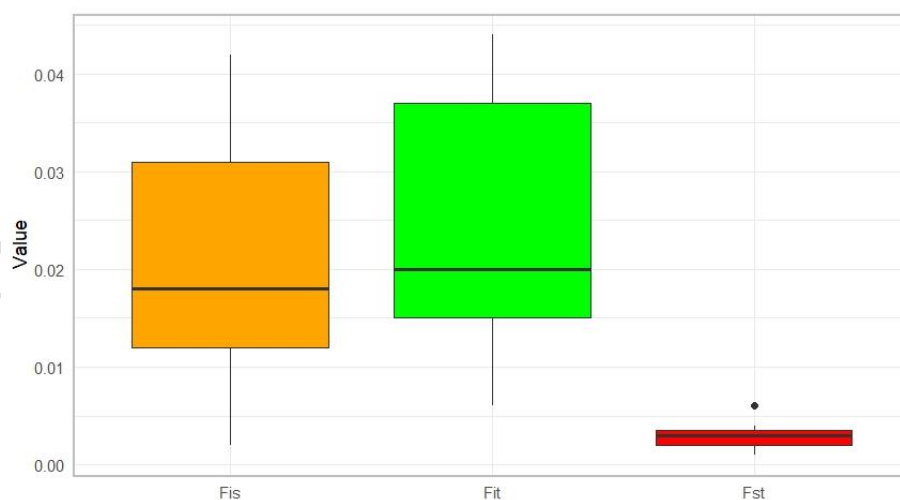
شکل ۳: هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) و مشاهده شده (Ho) در ۱۱ جایگاه ریزماهواره سراسر جمعیت‌های اسب عرب

تحلیل آماری‌های F

مقادیر میانگین هر سه شاخص (Fst، Fit، Fis) مثبت بودند (شکل ۴ و جدول ۵). میانگین FIS کل جمعیت (۰/۰۲۱±۰/۰۰۴) همسو با میانگین گزارش شده در اسب‌های عربی ایران برای ۱۰ نشانگر (۰/۰۲۱) و بالاتر از میانگین گزارش شده در نژاد اسب کردی ایرانی برای ۱۲ نشانگر (۰/۰۱۶) بود (خمیس آبادی و همکاران، ۱۳۹۸). در مقابل، مقدار Fis در اسب‌های عرب مصری برای ۱۶ نشانگر (۰/۱۱) (Sargious و همکاران، ۲۰۲۱)، اسب‌های عرب سوریه برای ۱۲ نشانگر (۰/۰۵۳) (Almarzook و همکاران، ۲۰۲۲) و اسب‌های فرانسه برای ۱۱ نشانگر (۰/۰۸) (Leroy و همکاران، ۲۰۰۹) به‌طور قابل توجهی بالاتر از مقدار مشاهده‌شده در مطالعه حاضر بود.

دامنه تغییرات Fis بین نشانگرها ۰/۰۰۲ تا ۰/۰۴۲ متغیر بود. نشانگر HMS6 بالاترین مقدار (۰/۰۴۲) را نشان داد و این ممکن است زنگ خطری برای افزایش همخوانی یا کاهش تنوع ژنی در این ناحیه از ژنوم تلقی شود. علاوه براین، نشانگرهای ASB23، HMS3 و HTG4 مقادیر نسبتاً بالایی از Fis نشان دادند (بیش از ۰/۰۳) که نیازمند ملاحظات ویژه در برنامه‌های انتخابی آینده هستند. این الگو می‌تواند نشان‌دهنده تفاوت در فشارهای انتخابی یا میزان جفت‌گیری خویشاوندی در نواحی ژنومی مختلف باشد. در مقابل، نشانگر ASB17 با کمترین مقدار Fis (۰/۰۰۲) وضعیت متعادل‌تری را داشت و می‌تواند به عنوان یک نشانگر پایدار برای پایش‌های ژنتیکی آینده معرفی شود. این الگو در نشانگرهای HTG10 (۰/۰۰۹) و VHL20 (۰/۰۱۵) نیز مشاهده شد. قابل توجه آنکه تمام نشانگرها مقادیر Fis بالاتری نسبت به گزارش‌های مربوط به اسب‌های بومی لهستانی بود (Fornal و همکاران، ۲۰۲۱).

در بیشتر جایگاه‌ها، اختلاف بین He و Ho اندک بود، که حاکی از آن است که جمعیت اسب عرب مورد مطالعه در اکثر نشانگرها در تعادل ژنتیکی قرار دارد. با این حال، کاهش نسبی Ho در نسل پنجم، در کنار افزایش F در برخی نشانگرها (مانند HTG4 و HMS3)، می‌تواند نشانه‌هایی از شروع افزایش درون‌زایی یا کاهش تدریجی تنوع در نسل‌های اخیر باشد. چنین روندی ممکن است ناشی از انتخاب مکرر والدین محدود یا نبود تصادفی‌سازی در جفت‌گیری باشد.



شکل ۴: شاخص‌های تثبیت رایت (Fis، Fit، Fst) در کل جمعیت اسب عرب در میان ۱۱ جایگاه ریزماهواره‌ای میانگین Fst بسیار اندک (۰/۰۰۳) حاکی از شباهت بالای فراوانی آللی بین نسل‌ها بود که نشان‌دهنده تمایز ژنتیکی بسیار پایین (حدود ۰/۳ درصد) بین آن‌هاست (Weir و Holsinger، ۲۰۰۹). میانگین Fit با مقدار ۰/۰۲۴ (دامنه

تغییرات: ۰/۰۰۶ تا ۰/۰۴۴) برآورد شد که وجود همبستگی مثبت بین آلل‌ها درون افراد را نسبت به استخر ژنی ترکیبی کل نمونه‌ها نشان می‌دهد (Weir و Holsinger، ۲۰۰۹).

جدول ۵- شاخص‌های تثبیت آماره رایت Fis (ضریب همخوانی در سطح فردی نسبت به زیر جمعیت)، Fit (ضریب همخوانی هر فرد نسبت به کل جمعیت) و Fst (تمایز ژنتیکی جمعیت).

ژنی جایگاه	Fis	Fit	Fst
AHT4	۰/۰۱۷	۰/۰۱۹	۰/۰۰۲
AHT5	۰/۰۲۵	۰/۰۲۸	۰/۰۰۳
ASB17	۰/۰۰۲	۰/۰۰۶	۰/۰۰۴
ASB2	۰/۰۰۶	۰/۰۰۸	۰/۰۰۲
ASB23	۰/۰۳۹	۰/۰۴۰	۰/۰۰۱
HMS3	۰/۰۳۱	۰/۰۳۷	۰/۰۰۶
HMS6	۰/۰۴۲	۰/۰۴۴	۰/۰۰۲
HMS7	۰/۰۱۸	۰/۰۲۰	۰/۰۰۲
HTG10	۰/۰۰۹	۰/۰۱۲	۰/۰۰۳
HTG4	۰/۰۳۱	۰/۰۳۷	۰/۰۰۶
VHL20	۰/۰۱۵	۰/۰۱۸	۰/۰۰۳
میانگین	۰/۰۲۱	۰/۰۲۴	۰/۰۰۳
معیار انحراف	۰/۰۰۴	۰/۰۰۴	۰/۰۰۰

آنالیز پنج نسل متوالی، همگنی ساختار ژنتیکی را در طول زمان آشکار کرد (جدول ۶). مقادیر Fst محاسبه‌شده بین تمام جفت‌نسل‌ها در محدوده بسیار پایین صفر تا ۰/۰۰۴ قرار داشتند، که نشان‌دهنده تمایز ژنتیکی ناچیز است. بالاترین مقدار بین نسل‌های اول و پنجم مشاهده شد. اگرچه این مقدار همچنان در محدوده "تمایز ژنتیکی بسیار پایین" (معمولاً $Fst < ۰/۰۵$) نشان‌دهنده عدم تفکیک یا ساختار ضعیف است) طبقه‌بندی می‌شود (Men و همکاران، ۲۰۱۷)، روند افزایشی جزئی و تدریجی در مقادیر Fst با افزایش فاصله نسلی، می‌تواند نشان‌دهنده فرآیند بسیار ضعیف اما پیوسته‌ای از تفکیک ژنتیکی باشد. این امر ممکن است ناشی از تغییرات مدیریتی در برنامه‌های اصلاح نژاد یا سازگاری با فشارهای محیطی در طول زمان باشد. ماتریس فاصله ژنتیکی نی (Nei)، نیز کم‌ترین

فاصله را بین نسل‌های متوالی ($G1-G2=0/003$) و بیشترین فاصله را بین نسل‌های ابتدایی و پایانی ($G1-G5=0/025$) نشان داد که همسو با یافته‌های F_{st} می‌باشد.

پایداری نسبتاً خوب شاخص‌های کلاسیک تنوع ژنتیکی (H_o, H_e, Na) در تمام نسل‌ها، همراه با مقادیر ناچیز F_{st} ، حفظ تنوع ژنتیکی و جریان ژنی مداوم را تأیید می‌کند. این الگو نشان‌دهنده‌ی غیاب گردن‌باریک ژنتیکی (bottleneck)، کنترل مؤثر رانش ژنی (genetic drift) و فقدان ساختار جمعیتی (population substructure) در طول پنج نسل است. بنابراین، تمامی نسل‌ها می‌توانند به‌عنوان یک جمعیت همگن واحد مدل‌سازی شوند.

در مجموع، تحلیل نشانگرمحور نشان می‌دهد که نشانگرهای $VHL20$ ، $HTG10$ ، $AHT4$ و $ASB17$ از نظر پایداری در شاخص‌های H_o ، H_e و F مناسب‌ترین نشانگرها برای ادامه پایش‌های ژنتیکی و طراحی برنامه‌های اصلاح نژادی می‌باشند. در مقابل، نشانگرهایی با F بالا مانند $HMS6$ باید تحت پایش دقیق‌تر قرار گیرند.

جدول ۶: ماتریس تمایز ژنتیکی F_{st} بین نسل‌های مختلف اسب عرب

نسل‌ها	G1	G2	G3	G4	G5
G1	0/000				
G2	0/003	0/000			
G3	0/011	0/005	0/000		
G4	0/017	0/011	0/004	0/000	
G5	0/025	0/018	0/010	0/002	0/000

جدول ۷: ماتریس فاصله ژنتیکی Nei بین نسل‌های اسب عرب

نسل‌ها	G1	G2	G3	G4	G5
G1	0/00				
G2	0/00	0/00			
G3	0/002	0/001	0/00		
G4	0/003	0/002	0/001	0/00	
G5	0/004	0/003	0/002	0/00	0/00

نتیجه گیری:

نتایج این مطالعه نشان داد که نژاد اسب عرب ایران، علی‌رغم گذشت بیش از دو دهه و شکل‌گیری پنج نسل متوالی، همچنان دارای تنوع ژنتیکی بالا، ساختار جمعیتی همگن و تعادل ژنتیکی نسبی است. هتروزیگوسیتی بالا، تعداد قابل توجه آلل‌ها، و مقادیر پایین F_{st} و Nei همگی مؤید حفظ ثبات ژنتیکی در این جمعیت هستند. با این حال، روند کاهشی آرام در شاخص‌هایی نظیر H_o ، N_a و افزایش F در نسل‌های اخیر، هشدار در مورد احتمال کاهش تدریجی تنوع ژنتیکی در آینده ارائه می‌دهد. شناسایی نشانگرهای دارای ثبات آللی که فراوانی آنها در طول نسل‌ها نسبتاً ثابت باقی مانده است (مانند VHL20، AHT4، HTG10 و ASB17) می‌تواند به عنوان نشانگرهای مرجع برای پایش جمعیت در نظر گرفته شود و فرصت مناسبی برای طراحی برنامه‌های پایش ژنتیکی منظم فراهم می‌سازد. همچنین پیشنهاد می‌شود نشانگرهای با F بالا مانند HMS6 در برنامه‌های آینده تحت پایش دقیق قرار گیرند و از جفت‌گیری‌های مکرر بین نریان‌های دارای خویشاوندی نزدیک پرهیز شود. استفاده از نشانگرهای ریزماهواره‌ای نشان داد که این ابزار همچنان برای بررسی‌های گسترده جمعیتی مناسب است و می‌تواند در برنامه‌ریزی‌های حفاظتی و اصلاحی آینده برای اسب عرب نقش مؤثری ایفا کند. با اینحال توصیه می‌شود مطالعات مشابه با استفاده از فناوری‌های نوین مانند SNP chip نیز برای تحلیل ژنومی دقیق‌تر انجام گردد.

منابع:

- بادبرین، س.، سیدشریفی، ر و فلاحی، ح (۱۴۰۱). بررسی تنوع ژنتیکی اسب عرب و تیره‌های مختلف آن با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. پژوهش‌های تولیدات دامی، شماره ۳۷، ص ص. ۱۵۸-۱۶۵.
- سیدآبادی، ح.، احمدپناه، ج.، جوانروح، ع و بانه، ح. (۱۴۰۲). بررسی ساختار ژنتیکی اسب نژاد عرب با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. تحقیقات تولیدات دامی، شماره ۱، ص ص. ۵۳-۶۴.
- سید شریفی، ر.، بادبرین، س.، هدایت ایوریق، ن.، ساور سفلی، س.، سیف دواتی، ج و خمیس آبادی، ح. (۱۳۹۸). بررسی ساختار ژنتیکی و روابط فیلوژنی اسب‌های کاسپین، عرب و تالشی. پژوهش‌های علوم دامی ایران، شماره ۲، ص ص. ۲۲۳-۲۳۲.
- جلوخوانی نیارکی، ص.، قربانی، ش و اسماعیل خانیان، سعید. (۱۴۰۰). برآورد پس‌روی ناشی از هم‌خونی صفات اقتصادی جمعیت مرغ بومی اصلاح‌شده اصفهان. تولیدات دامی، شماره ۳، ص ص. ۳۱۳-۳۲۴.

خمیس آبادی، ح.، بادبرین، س.، و سیدشریفی، ر. (۱۳۹۸). بررسی ساختار ژنتیکی و اصالت اسب گرد با استفاده از دوازده نشانگر میکروستلایت. ژنتیک نوین، شماره ۴، ص ص. ۳۷۷-۳۴۴.

عبدلی، م.، زندگی، م.ب.، و هرکی نژاد، ط و خلیلی، م. (۱۴۰۰). بررسی ساختار ژنتیکی اسب های بومی ایران با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره. تولیدات دامی، شماره ۲، ص ص. ۱۵۵-۱۶۳.

قربانی، ش و عمرانی، ح. (۱۳۹۹). برآورد میزان همخونی و پس روی ناشی از آن بر صفات اقتصادی مرغهای بومی اصلاح شده شمال ایران. علوم دامی، شماره ۱۲۸، ص ص. ۱۰۹-۱۲۴.

Al Abri, M., Brooks, S., Al-Saqri, N., Alkharousi, K., Johnson, E., Alqaisi, O., . . . Al Marzooqi, W. (2021). Investigating the population structure and genetic diversity of Arabian horses in Oman using SNP markers. *Animal genetics*, 52(3), 304-310.

Almarzook, S., Abdel-Shafy, H., Said Ahmed, A., Reissmann, M., & Brockmann, G. (2022). GENETIC DIVERSITY OF ARABIAN HORSES USING MICROSATELLITE MARKERS. *Egyptian Journal of Animal Production*, 59(1), 19-27.

Almarzook, S., Reissmann, M., & Brockmann, G. A. (2017). Diversity of mitochondrial DNA in three Arabian horse strains. *Journal of applied genetics*, 58, 273-276.

Amjadi, M. A., Yeganeh, H. M., Sadeghi, M., Raza, S. H. A., Yang, J., Najafabadi, H. A., . . . Ahmed, J. Z. (2021). Microsatellite analysis of genetic diversity and population structure of the Iranian Kurdish horse. *Journal of Equine Veterinary Science*, 98, 103358.

Cervantes, I., Molina, A., Goyache, F., Gutiérrez, JP., Valera, M. (2008) Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. *Livestock science*. 1;113(1):24-33.

Chaudhari, A. B., Ramanujam, R., & Ragothaman, V. (2023). Effects of inbreeding on reproduction and fitness traits in a closed flock of Nilagiri sheep, an endangered Indian breed. *Small Ruminant Research*, 219, 106904.

Cosgrove, E. J., Sadeghi, R., Schlamp, F., Holl, H. M., Moradi-Shahrabak, M., Miraei-Ashtiani, S. R., . . . Stefaniuk-Szmukier, M. (2020) Genome diversity and the origin of the Arabian horse. *Scientific reports*, 10(1), 9702.

Ellegren, H. (2004). Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature reviews genetics*, 5(6), 435-445.

Fornal, A., Kowalska, K., Zabek, T., Piestrzynska-Kajtoch, A., Musiał, A. D., & Ropka-Molik, K. (2021). Genetic variability and population structure of Polish Konik horse maternal lines based on microsatellite markers. *Genes*, 12(4), 546.

Głazewska, I. (2010). Speculations on the origin of the Arabian horse breed. *Livestock Science*, 129(1-3), 49-55.

Głazewska, I., Gralak, B., Naczka, A. M., & Prusak, B. (2018). Genetic diversity and population structure of Polish Arabian horses assessed through breeding and microsatellite data. *Animal Science Journal*, 89(5), 735-742.

Hedrick, P. W. (2009). *Genetics of populations*: Jones & Bartlett Publishers.

Holsinger, K. E., & Weir, B. S. (2009). Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting F ST. *Nature Reviews Genetics*, 10(9), 639-650.

- Hristov, P., Radoslavov, G., Mehandjyski, I., Salkova, D., & Yordanov, G. (2024). Genetic Diversity and Population Structure among Arabian Horse Genealogical Lineages in Bulgaria. *Diversity*, 16(5), 281.
- Hunter, P. (2023). Genetics against extinction: New conservation strategies consider genetic diversity and habitat loss. *EMBO Reports*. 5;24(7):e57521.
- Janova, E., Futas, J., Klumplerova, M., Putnova, L., Vrtkova, I., Vyskocil, M., . . . Horin, P. (2013). Genetic diversity and conservation in a small endangered horse population. *Journal of Applied Genetics*, 54(3), 285-292.
- Lawson JM, Shilton CA, Lindsay-McGee V, Psifidi A, Wathes DC, Raudsepp T, de Mestre AM. (2024). Does inbreeding contribute to pregnancy loss in Thoroughbred horses? *Equine Veterinary Journal* . 56(4):711-718.
- Leroy, G., Callède, L., Verrier, E., Mériaux, J.-C., Ricard, A., Danchin-Burge, C., & Rognon, X. (2009). Genetic diversity of a large set of horse breeds raised in France assessed by microsatellite polymorphism. *Genetics Selection Evolution*, 41(1), 5.
- Machmoum, M., Boujenane, I., Azelhak, R., Badaoui, B., Petit, D., & Piro, M. (2020). Genetic diversity and population structure of Arabian horse populations using microsatellite markers. *Journal of Equine Veterinary Science*, 93, 103200.
- Men, Q., Xue, G., Mu, D., Hu, Q., & Huang, M. (2017). Mitochondrial DNA markers reveal high genetic diversity and strong genetic differentiation in populations of *Dendrolimus kikuchii* Matsumura (Lepidoptera: Lasiocampidae). *PloS one*, 12(6), e0179706
- Müller-Unterberg M, Wallmann S, Distl O. Effects of inbreeding and other systematic effects on fertility of Black Forest Draught horses in Germany. *Acta Veterinaria Scandinavica*. 2017 Oct 18;59(1):70.
- Notter, D. R. (1999). The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *Journal of animal science*, 77(1), 61-69.
- Orazymbetova, Z., Ualiyeva, D., Dossybayev, K ,Torekhanov, A., Sydykov, D., Mussayeva, A., & Baktybayev, G. (2023). Genetic Diversity of Kazakhstani *Equus caballus* (Linnaeus, 1758) Horse Breeds Inferred from Microsatellite Markers. *Veterinary Sciences*, 10(10), 598.
- Petersen, J. L., Mickelson, J. R ,Cothran, E. G., Andersson, L. S., Axelsson, J., Bailey, E., . . . Brama, P. (2013). Genetic diversity in the modern horse illustrated from genome-wide SNP data. *PLoS One*, 8(1), e54997.
- Plante, Y., Vega-Pla, J. L., Lucas, Z., Colling, D., De March, B., & Buchanan, F. (2007). Genetic diversity in a feral horse population from Sable Island, Canada. *Journal of Heredity*, 98(6), 594-602.
- Ricard, A., Robert, C., Blouin, C., Baste, F., Torquet, G., Morgenthaler, C., . . . Schibler, L. (2017). Endurance exercise ability in the horse: a trait with complex polygenic determinism. *Frontiers in genetics*, 8, 89.
- Sargious, M. A., Ahmed, H. A., El-Shawarby, R. M., Bakery, H. H., Ramadan, S. I., Cothran, E. G., & Farid, A. S. (2021). Genetic diversity and population assignment of Arabian Horses. *Pak. J. Zool*, 53, 9-20.
- Schiettecatte, J., & Zouache, A. (2017). The horse in Arabia and the Arabian horse: origins, myths and realities. *Arabian Humanities. Revue internationale d ' archéologie et de sciences sociales sur la péninsule Arabique/International Journal of Archaeology and Social Sciences in the Arabian Peninsula*(8).
- Seyedabadi, H., & Emrani, H. (2024). Genetic Variations and Bottleneck Demographic Studies in Kurdish Horse Breed Using 17 Microsatellite Markers. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 26(5), 973-982.
- Vostry, L., Vostra-Vydrova, H., Citek, J., Gorjanc, G., Curik, I. (2021). Association of inbreeding and regional equine leucocyte antigen homozygosity with the prevalence of insect bite hypersensitivity in Old Kladruber horse. *Animal Genetic*. 52(4):422-430.

نسخه پیش از انتشار