

Research Article**Estimation of Effective Population Size Using 70K SNP-CHIP Chips in Kurdish Horse****Bahareh Safaei*, Hossein Moradi Shahrababak**

Department of Animal Sciences, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

*Corresponding author: safaei.bahareh@ut.ac.ir

Received: 26 May 2024

Accepted: 11 August 2025

DOI: 10.60833/ascij.2025.1120837

Abstract

Native breeds of each region should be given particular consideration, and we should put excessive effort in preserving these breeds. Studying and evaluating the population structure and diversity is a technique to protect the genetic reserves of indigenous breeds. In this study, regarding the importance of preserving diverse breeds of Iranian horses, we investigated the effective population size of Kurdish horses. One of the significant variables for examining the population structure is the effective population size. For this purpose, we estimated linkage disequilibrium using Single Nucleotide Polymorphism information obtained from 70k SNPchips in Kurdish horses. At first, data quality control procedures were performed on the initial 65157 SNPs by Plink software ($r^2 > 0.05$, $r^2 > 0.05$, $MAF < 0.01$, $hwe < 10^{-6}$), and then some data were removed posteriorly, and ultimately the number of 56012 SNPs on autosomal chromosomes were left for further analyses. linkage disequilibrium was calculated using the r^2 statistic, and we employed this information to estimate the effective population size. r^2 had the highest value in the distance from 0 to 2.5 kb, which decreased with increasing distance between markers. The average r^2 was estimated at 0.046 in all chromosomes, and ranged from 0.041 to 0.052 among chromosomes. Likewise, the effective population size was predicted to be 6674 in 4463 previous generations, which reached 26 in the current generation.

Keywords: Effective population size, Linkage disequilibrium, Single nucleotide polymorphism, Kurdish horse.

مقاله یژوهشی

تخمین اندازه موثر جمعیت با استفاده از داده‌های تراشه‌های SNP-CHIP 70K در اسب نژاد کرد

بہارہ صفایہ،*، حسین مرادی شہر یابک

گروه علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ایران

*مسئول مکاتبات: safaei.bahareh@ut.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۳/۰۶

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۵/۲۰

DOI: 10.60833/ascij.2025.1120837

حکیدہ

سال‌هاست نژادهای بومی بسیار مورد توجه قرار دارند و تلاش‌های زیادی برای حفظ این نژادها انجام می‌شود. مطالعه و ارزیابی ساختار جمعیت و تنوع یکی از راه‌های حفاظت از ذخایر ژنتیکی است. با توجه به اهمیت حفظ نژادهای مختلف اسب ایرانی، ما نیز در این مطالعه به بررسی اندازه موثر جمعیت در اسب نژاد کرد پرداختیم. یکی از پارامترهای مهم برای بررسی ساختار جمعیت اندازه موثر جمعیت است. بدین منظور، عدم تعادل لینکاژی را با استفاده از اطلاعات نشانگرهای تک‌نوکلئوتیدی حاصل از تراشه‌های متراکم k_v در اسب نژاد کرد تخمین زدیم. در ابتدا بروی SNP_{65157} اولیه مراحل کنترل کیفیت داده‌ها توسط نرم‌افزار Plink ($mind > 0.05$, $geno > 0.01$, $MAF < 10^{-6}$, $hwe < 10^{-6}$) انجام گرفت و بدنبال آن تعدادی از داده‌ها حذف شدند و در نهایت تعداد SNP_{56012} بروی کروموزوم‌های اتوزوم برای ادامه آنالیزها باقی ماندند. LD با استفاده از آماره r^2 تخمین زده شد و از این اطلاعات برای تخمین اندازه موثر جمعیت استفاده شد. r^2 در فاصله‌ی ۰ تا $2/5$ kb بیشترین مقدار را داشت که با افزایش فاصله بین نشانگرها کاهش نشان داد. متوسط r^2 در تمام کروموزوم‌ها 0.046 تخمین زده شد و محدوده‌ی آن از 0.041 تا 0.052 در بین کروموزوم‌ها تخمین زده شد. همچنین اندازه موثر در 4463 نسل قبل 6674 تخمین زده شد که در نسل حاضر نیز به 26 رسید.

کلمات کلیدی: اندازه موثر، جمعیت، عدم تعادل لینکاژی، یلم مورفسم تک نو کلیو تبدی، اسب کر د.

مقدمه

از قدیم همواره در جوامع مختلف پرورش اسب مورد استقبال بوده است و از آن نه تنها برای کار بلکه بعنوان سرگرمی در ورزش‌هایی نظیر چوگان و انواع مسابقات اسب‌دوانی نیز استفاده می‌شد. در ایران نیز در دوره‌های مختلف نژادهای بومی اسب بسیار مورد توجه قرار داشت. اسب کرد با خصوصیات منحصر به فرد، یکی از اصلی‌ترین ذخایر ژنتیکی اسب در ایران است. در منابع متعدد از تیره‌های مختلفی از این نژاد نام برده شده

است اما، سه تیره جاف، افشاری و سنجابی به عنوان مهمترین تیره‌های این اسب معرفی شده‌اند. ریشه اسب کرد را به اسب‌های نسایی نسبت می‌دهند که تصاویر آن در کوه بیستون در غرب ایران نقش بسته است. اندازه مؤثر جمعیت مقدار تغییرات ژنتیکی، رانش ژنتیکی و عدم تعادل لینکاژی را در جمعیت تعیین می‌کند (۱). اندازه مؤثر جمعیت از روش‌های مختلفی همچون شجره، جمعیت شناسی و نشانگرها محاسبه

دادن به برنامه‌های اصلاح نژادی در این گونه و مخصوصاً نژاد کرد سعی شد در این تحقیق با استفاده از داده‌های ژنومیکی پارامتر اندازه موثر جمعیت برآورد شود. همچنین از آنجایی که اقلیم در مناطق مختلف ایران متفاوت است، تنوع ژنتیکی خوبی در این گونه دیده می‌شود که نیاز به مطالعه و بررسی دارد. به علت لزوم توجه به نژادهای بومی در این مطالعه از میان نژادهای مختلف، جمعیت اسب نژاد کرد که خاص مناطق کردنشین (با آب و هوای کوهستانی) است را انتخاب کرده و به تخمین اندازه موثر جمعیت (N_e) و اطلاع از وضعیت ژنتیکی آن پرداخته‌ایم.

مواد و روش‌ها

داده‌های مورد استفاده در این مطالعه، حاصل طرح ملی تشکیل پایه‌های ژنتیکی، جمعیت اسب کرد است که توسط شرکت دانش بنیان ساینکستر البرز مستقر در پارک علم و فناوری دانشگاه تهران و با نظارت مرکز اصلاح نژاد و بهبود تولیدات دامی کشور، دانشگاه کنتاکی آمریکا و آزمایشگاه GeneSeek آمریکا جمع‌آوری شده است.

نمونه‌های خون از ۳۱ راس اسب نژاد کرد از شهرهای سنندج و حومه، سقز، بیجار، کرمانشاه، اسدآباد و کنگاور تهیه شد. در این مطالعه سعی شد نمونه‌گیری از اسب‌هایی که رابطه خویشاوندی با یکدیگر نداشته و از لحاظ مورفولوژی و فنوتیپی دارای حداقل‌های خصوصیات نژادی بودند، انجام شود.

کنترل کیفیت داده‌های ژنومی: نمونه‌گیری خون از ۳۱ اسب نژاد کرد توسط شرکت دانش بنیان سایتا گستر البرز انجام شد. سپس تعیین ژنوتیپ با استفاده از تراشه‌های 70k توسط آزمایشگاه GeenSeek آمریکا صورت گرفت. به منظور کاهش خطا در آنالیزها کنترل کیفیت توسط نرم‌افزار Plink انجام گرفت. در مرحله کنترل کیفیت حیواناتی به دلیل عدم تعیین ژنوتیپ بیش

می‌شود (۲). هر چند، شجره معمول‌ترین روش برای تخمین اندازه موثر جمعیت است اما نیاز به اطلاعات شجره کامل دارد. یک روش جایگزین برای حل مشکل نداشتن شجره کامل، استفاده از داده‌های ژنومیک است (۳). امروزه از داده‌های پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی (Single Nucleotide Polymorphism: SNP) برای تخمین اندازه موثر جمعیت در حیوانات اهلی و انسان بطور گسترده استفاده می‌شود (۱، ۴، ۵). با مطالعه عدم تعادل لینکاژی (Linkage Disequilibrium: LD) بین نشانگرهای ژنتیکی در انسان و گونه‌های دیگر می‌توان اطلاعاتی درباره اندازه موثر جمعیت در گذشته بدست آورد (۶). توسعه SNPchipها با تراکم بالا، راه را برای تحقیقات ژنتیک جمعیت و ژنتیک کمی هموار ساخته است (۷). همچنین، تعیین ژنوتیپ با دقت بالا اطلاعات قابل توجهی را برای برآورد دقیق‌تر LD و N_e فراهم کرده است. به طور کلی، LD در ژنوم یک پارامتر جمعیتی مهم برای نشان دادن تعداد جمعیت اجدادی، است و به بهبود درک ما از تکامل، مدل و ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها کمک می‌کند (۸).

استفاده از داده‌های عدم تعادل لینکاژی و تخمین اندازه موثر جمعیت روشی برای کمی کردن تنوع ژنتیکی و مقایسه بهتر بین جمعیت‌ها است (۹). همچنین، اندازه موثر جمعیت میزان رانش ژنتیکی یک جمعیت را نیز نشان می‌دهد (۳). اندازه موثر جمعیت بالاتر نشان دهنده تنوع ژنتیکی بیشتر و کاهش همخوانی در میان جمعیت است. در نهایت، ارزیابی‌های ژنتیکی و تخمین همخوانی می‌تواند به تصمیمات آگاهانه در طرح‌های اصلاح نژادی کمک زیادی کند. تحقیقات زیادی در زمینه بررسی اندازه موثر جمعیت و همچنین عدم تعادل لینکاژی در حیوانات اهلی مختلف صورت گرفته است. بنابراین، با توجه به اینکه این گونه بسیار مورد توجه قرار دارد و ممکن است خطر انقراض بعضی از نژادها نیز وجود داشته باشد و همچنین به منظور جهت

جمعیت دام و توسعه آن در طول زمان است. با ظهور SNPchip هایی با تراکم بالا و بدنبال آن تکنولوژی تعیین ژنوتیپ با دقت بالا، اطلاعات قابل توجهی برای برآورد دقیق تر N_e فراهم شد، این مجموعه بزرگ از داده‌ها به بهبود درک ما از تاریخچه جمعیت کمک می‌کند. اندازه‌گیری دقیق اندازه مؤثر جمعیت در دام‌ها نیازمند اطلاعات با کیفیت و مهارت‌های تخصصی برای محاسبه و تجزیه و تحلیل است (۱۰).

در مطالعه حاضر، اندازه مؤثر جمعیت با استفاده از فایل‌های map و ped و ورودی Plink در نرم‌افزار SNeP (۳) تخمین زده شد. این نرم‌افزار N_e را براساس LD و طبق فرمول Corbin تخمین می‌زند (۳). رابطه ۲:

$$N_{T(t)} = \frac{1}{(4f(C_t))} \left(\frac{1}{E[r_{adj}^2 C_t]} \right) - \alpha$$

در این فرمول $N_{T(t)}$ تخمینی از اندازه مؤثر جمعیت در t نسل قبل، C_t نرخ نوترکیبی t نسل قبل، r_{adj}^2 میزان LD و α عددی ثابت برای تصحیح جهش است.

نتایج

از ۳۱ راس اسب نژاد کرد تعداد ۶۵۱۵۷ SNP تعیین ژنوتیپ شدند. با انجام مراحل کنترل کیفیت با استفاده از نرم‌افزار Plink (۱۱) یک حیوان به دلیل عدم تعیین ژنوتیپ بیش از ۵ درصد جایگاه‌ها حذف شد. همچنین، تعداد ۴۲۳۳ SNP که فراوانی آلل حداقل (MAF) کمتر از ۰/۰۱ داشتند، تعداد ۱۹۳۷ SNP به دلیل ژنوتیپ از دست رفته و ۱۰ SNP به دلیل عدم تعادل هاردی واینبرگ ($hwe < 10^{-6}$) از مجموعه داده‌ها حذف شدند. در نهایت ۳۰ حیوان و تعداد ۵۸۹۷۷ SNP کنترل کیفیت را پشت‌سر گذاشتند. از این تعداد ۲۹۱۹ SNP که متعلق به کروموزوم‌های جنسی بودند و نیز تعدادی SNP با جایگاه تکراری نیز حذف شدند. در انتها، ۵۶۰۱۲ SNP (۸۵/۹۶ درصد از کل SNP ها) برای انجام آنالیزها باقی ماندند.

از ۵ درصد جایگاه‌ها حذف شدند. همچنین از آنالیز SNP هایی با فراوانی آلل حداقل (MAF) کمتر از ۰/۰۱ و ژنوتیپ از دست رفته بیش از ۵ درصد نیز صرف‌نظر شد. در ادامه، آزمون انحراف از تعادل هاردی واینبرگ برای SNP ها بعنوان معیار خطای تعیین ژنوتیپ انجام شد و SNP هایی که با شدت $\beta = 10^{-6}$ از تعادل هاردی واینبرگ انحراف داشتند از مجموع داده‌ها حذف شدند. سطح اطمینان 10^{-6} با استفاده از رابطه‌ی بنفرونی (α/n) بدست آمد که در این رابطه α درصد خطای آزمون است که ۰/۰۵ در نظر گرفته شد و n نیز تعداد کل نشانگرها به معنای تعداد آزمون‌ها است. در این مطالعه فقط از داده‌های کروموزوم‌های اتوزوم استفاده شد بنابراین، SNP های کروموزوم‌های جنسی نیز حذف شدند.

عدم تعادل لینکاژی: عدم تعادل لینکاژی (LD) به ارتباط غیر تصادفی آلل‌ها اشاره دارد (۸). میزان LD بین جفت SNP ها با استفاده از آماره‌ی r^2 تخمین زده شد و مطابق رابطه (۱) محاسبه گردید.

$$r^2 = \frac{D'}{f_{A1}f_{A2}f_{B1}f_{B2}} \quad \text{رابطه ۱:}$$

در این فرمول F_{B1} ، F_{A2} ، F_{A1} و $D' = F_{A1B1} - F_{A1}F_{B1}$ و F_{B2} مقدار فراوانی آللی را نشان می‌دهند. مقدار r^2 بین صفر و یک متغیر است. $r^2 = 1$ نمایانگر این است که دو جایگاه در LD کامل هستند و بنابراین همبستگی دو جایگاه صددرصد است. همچنین، $r^2 = 0$ نیز نشان دهنده عدم وجود LD بین دو جایگاه است. یک پارامتر مهم دیگر برای تخمین عدم تعادل لینکاژی آماره D' است. با این حال، r^2 در مقایسه با D' تخمین بهتری از LD می‌زند زیرا به میزان کمتری به فراوانی آللی و اندازه جمعیت وابسته است.

اندازه مؤثر جمعیت: اندازه مؤثر جمعیت یک پارامتر مهم برای ارزیابی تنوع ژنتیکی و میزان همخوانی در

۱۰۰ kb بصورت محسوس‌تری قابل مشاهده است و در فاصله ۱۰ kb به نصف می‌رسد (شکل ۱). همچنین، نشان داده شد که با افزایش فاصله بین SNPها تعداد SNPهایی که در این محدوده‌ها قرار می‌گیرند بیشتر می‌شود و در فاصله‌ی ۲۰۰۰ تا ۵۰۰۰ kb بیشترین تعداد SNP وجود دارد (۱۵۹۲۹۹ SNP). میانگین r^2 در تمام SNPها ۰/۱۹ تخمین زده شد.

اندازه موثر جمعیت: محاسبات مربوط به اندازه موثر جمعیت با استفاده از نرم‌افزار (SNeP1.1) (۳) انجام شد. همانطور که در شکل ۲ نیز مشاهده می‌شود هر چه از نسل‌های اجدادی دورتر شده و به نسل‌های امروزی نزدیک‌تر می‌شویم تعداد افراد در جمعیت کاهش می‌یابد. روند نزولی تا ۵۰۰ نسل قبل شیب کندتری داشته، بطوری که از تعداد ۶۶۷۴ راس در نسل ۴۴۶۳ به تعداد ۱۶۲۷ راس در نسل ۵۵۴ کاهش یافته است. در حالی که از نسل ۵۵۴ تا نسل حاضر ۱۶۰۱ راس کاهش داشته است و در نسل حاضر به ۲۶ راس رسیده است.

توزیع نشانگرهای SNP بر روی کروموزوم‌های اتوزوم: تعداد SNPها بر روی کروموزوم‌ها از ۵۷۹ تا ۴۳۹۴ متغیر بود که بیشترین مقدار آن بر روی کروموزوم یک مشاهده شد. متوسط فاصله بین SNPها نیز از ۳۶۲۹۱/۵ تا ۴۷۲۳۰/۴۸ bp متغیر بود، که بترتیب در کروموزوم‌های ۲۴ و ۲۶ مشاهده شد (جدول ۱)، که نشان می‌دهد تراکم SNP در کروموزوم ۲۴ بیشتر از سایر کروموزوم‌ها است. متوسط فاصله بین نشانگرها ۴۰/۲۱۳ kb تخمین زده شد. همچنین، متوسط r^2 بین نشانگرها نیز به تفکیک کروموزوم‌ها از ۰/۰۴۱ تا ۰/۰۵۷ تخمین زده شد که بیشترین r^2 مقدار در کروموزوم ۱۱ مشاهده شد (جدول ۱). متوسط r^2 بین جفت SNPها به تفکیک کروموزوم‌ها ۰/۰۴۶ محاسبه شد.

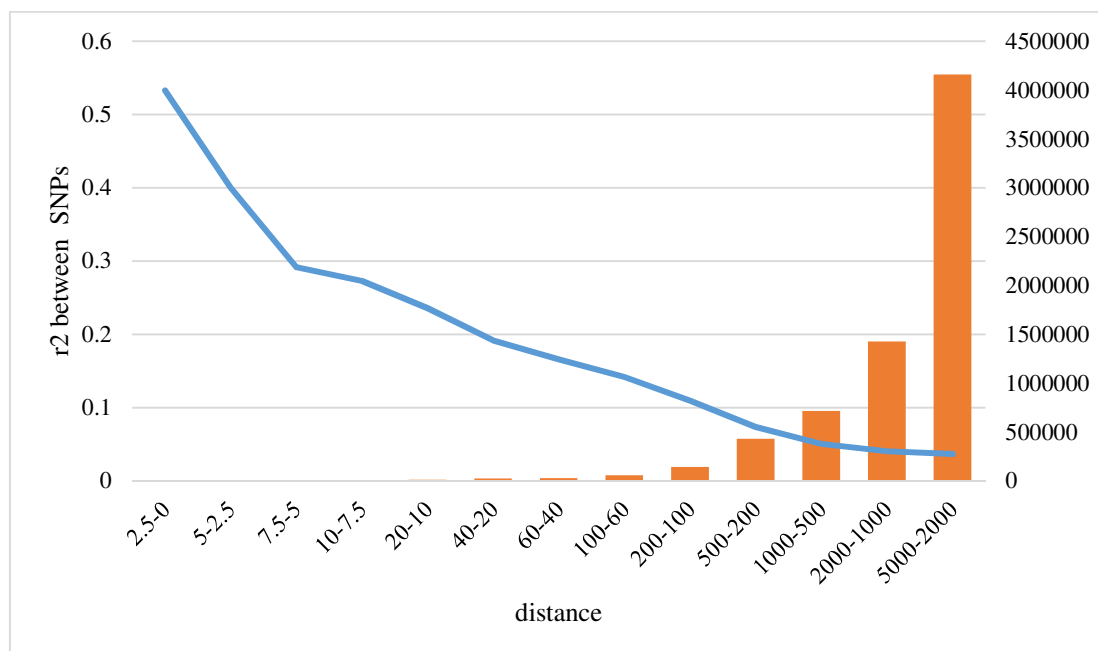
فاصله بین SNPها و عدم تعادل لینکاژی: عدم تعادل لینکاژی را با استفاده از پارامتر r^2 بررسی کردیم که خلاصه‌ی نتایج آن در شکل ۱ آورده شده است. نتایج نشان دهنده این موضوع است که با افزایش فاصله‌ی بین SNPها، r^2 کاهش می‌یابد و این کاهش تا فاصله‌ی

جدول ۱- توزیع نشانگرها و تغییرات r^2 در هر کروموزوم

Table 1- Distribution of markers and r^2 changes per chromosome

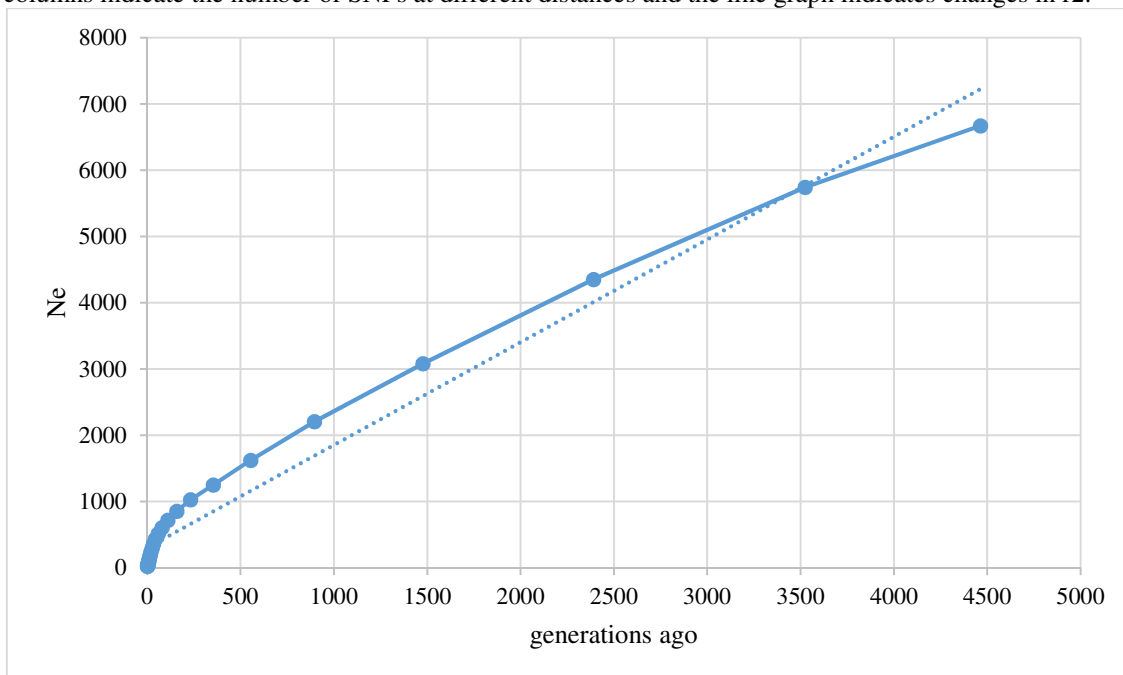
Number of Chromosome	Number of SNP	Length of chromosome (bp)	Average of distance (bp)	Average of r^2
1	4394	185811721	42287.602	0.045 ± 0.080
2	3137	120843329	38521.94	0.047 ± 0.083
3	2768	119456949	43156.41	0.048 ± 0.086
4	2691	108559396	40341.66	0.050 ± 0.09
5	2524	99631010	39473.46	0.051 ± 0.092
6	2247	84707408	37698	0.045 ± 0.077
7	2372	98426293	41495.06	0.052 ± 0.093
8	2451	93811532	38274.8	0.048 ± 0.088
9	2156	83494725	38726.68	0.048 ± 0.088
10	2121	83947835	39579.37	0.051 ± 0.091
11	1609	61282299	38087.2	0.057 ± 0.110
12	803	32916810	40992.29	0.043 ± 0.073

13	1017	42556495	41845.13	0.041 ± 0.073
14	2423	93893549	38750.95	0.045 ± 0.079
15	2318	91556092	39497.88	0.047 ± 0.082
16	2220	87348489	39346.17	0.044 ± 0.078
17	2039	80701936	39579.19	0.046 ± 0.080
18	1965	82495575	41982.48	0.046 ± 0.082
19	1601	59909834	37420.26	0.044 ± 0.077
20	1587	64162481	40430.04	0.043 ± 0.075
21	1534	57654847	37584.65	0.044 ± 0.075
22	1301	49944830	38389.57	0.044 ± 0.075
23	1358	55576895	40925.55	0.044 ± 0.079
24	1287	46707155	36291.5	0.043 ± 0.074
25	985	39531737	40133.74	0.045 ± 0.078
26	886	41846202	47230.48	0.046 ± 0.081
27	987	39932455	40458.41	0.043 ± 0.074
28	1159	46050707	39733.14	0.046 ± 0.080
29	731	33632759	46009.25	0.042 ± 0.076
30	762	30032225	39412.37	0.041 ± 0.071
31	579	24867684	42949.368	0.043 ± 0.071



شکل ۱- بررسی تغییرات r^2 و تعداد SNP ها در فواصل مختلف بین نشانگرها. ستون‌ها نشان‌دهنده تعداد SNP ها در فواصل مختلف و نمودار خطی نشان‌دهنده تغییرات r^2 می‌باشد.

Fig. 1. Examination of changes in r^2 and number of SNPs at different distances between markers. The columns indicate the number of SNPs at different distances and the line graph indicates changes in r^2 .



شکل ۲- اندازه موثر جمعیت (N_e) اسب نژاد کرد در نسل‌های مختلف

Fig. 2. Effective population size (N_e) of Kurdish horse breed in different generations

بحث

با توجه به ویژگی‌های نژادهای اسب ایرانی و تقاضای صادرات، شناسایی، حفظ و تکثیر آنها اهمیت یافته است. اسب کرد یکی از نژادهای بومی ایران است که با داشتن ویژگی‌های خاص از سایر نژادهای بومی ایران متمایز می‌شود. نظری و همکاران نشان دادند که می‌توان جمعیت‌های اسب ایرانی را به دو دسته اسب‌های سواحل شرقی و جنوبی دریای مازندران تقسیم کرد (ترکمن و کاسپین) و اسب‌های جنوب غربی ایران (اصیل و دره شوری) (۱۲). در این مطالعه برای اولین بار اندازه موثر در جمعیت اسب کرد با استفاده از LD بررسی گردید. متوسط r^2 در فاصله کمتر از ۱۰ kb در این مطالعه (۰/۲۰۴) تقریباً برابر با r^2 در همین فاصله در گوسفندان نژاد دورپر و موتون آلمانی در مطالعه Zhao و همکاران (۲۰۱۴) است (۸). در اسب جیجو بیشترین کاهش LD در فاصله کمتر از ۱ Mb گزارش شد و بعد از این فاصله روند کاهشی کندتر شد (۷). در مطالعه Corbin و همکاران (۱۳) در فاصله ۲۰۰ kb بیشترین کاهش در LD مشاهده شد و تقریباً r^2 به نصف کاهش پیدا کرد. در مطالعه ما r^2 در فاصله ۱۰ kb شدیدترین کاهش را نشان داد و به نصف رسید. همچنین r^2 در فاصله ۱۰ kb بیشترین کاهش را نشان داد و به نصف رسید در صورتی که در مطالعه دیگری (۱۴) در فاصله ۲۰۰ kb بیشترین کاهش را نشان داده بود. کاهش اندازه r^2 با افزایش فاصله نشان می‌دهد چه تعداد نشانگر برای مطالعات ژنومی مورد نیاز می‌باشد. در مطالعه حاضر بین طول کروموزوم و LD رابطه‌ای مشاهده نشد در حالی که بین طول کروموزوم و LD در مطالعه Corbin و همکاران (۱۳) رابطه عکس و در مطالعه Khatkar و همکاران (۲۰۰۸) این رابطه مستقیم گزارش شد (۱۵).

با توجه به ویژگی‌های نژادهای اسب ایرانی و تقاضای صادرات، شناسایی، حفظ و تکثیر آنها اهمیت یافته است. اسب کرد یکی از نژادهای بومی ایران است که با داشتن ویژگی‌های خاص از سایر نژادهای بومی ایران متمایز می‌شود. نظری و همکاران نشان دادند که می‌توان جمعیت‌های اسب ایرانی را به دو دسته اسب‌های سواحل شرقی و جنوبی دریای مازندران تقسیم کرد (ترکمن و کاسپین) و اسب‌های جنوب غربی ایران (اصیل و دره شوری) (۱۲). در این مطالعه برای اولین بار اندازه موثر در جمعیت اسب کرد با استفاده از LD بررسی گردید. متوسط r^2 در فاصله کمتر از ۱۰ kb در این مطالعه (۰/۲۰۴) تقریباً برابر با r^2 در همین فاصله در گوسفندان نژاد دورپر و موتون آلمانی در مطالعه Zhao و همکاران (۲۰۱۴) است (۸). در اسب جیجو بیشترین کاهش LD در فاصله کمتر از ۱ Mb گزارش شد و بعد از این فاصله روند کاهشی کندتر شد (۷). در مطالعه Corbin و همکاران (۱۳) در فاصله ۲۰۰ kb بیشترین کاهش در LD مشاهده شد و تقریباً r^2 به نصف کاهش پیدا کرد. در مطالعه ما r^2 در فاصله ۱۰ kb شدیدترین کاهش را نشان داد و به نصف رسید. همچنین r^2 در فاصله ۱۰ kb بیشترین کاهش را نشان داد و به نصف رسید در صورتی که در مطالعه دیگری (۱۴) در فاصله ۲۰۰ kb بیشترین کاهش را نشان داده بود. کاهش اندازه r^2 با افزایش فاصله نشان می‌دهد چه تعداد نشانگر برای مطالعات ژنومی مورد نیاز می‌باشد. در مطالعه حاضر بین طول کروموزوم و LD رابطه‌ای مشاهده نشد در حالی که بین طول کروموزوم و LD در مطالعه Corbin و همکاران (۱۳) رابطه عکس و در مطالعه Khatkar و همکاران (۲۰۰۸) این رابطه مستقیم گزارش شد (۱۵).

نتیجه‌گیری

اسب‌های بومی همانند دیگر حیوانات بومی می‌توانند خود را در برابر فشارهای محیطی، آب و هوا و بیماری‌ها تطبیق دهند. بنابراین، نیاز پرورش آن به توجه بیشتری نیاز دارد. عدم مدیریت و برنامه‌ریزی‌های غلط منجر به کاهش اندازه جمعیت می‌شود و این مسئله باعث افزایش هم‌خونی و کاهش تنوع درون جمعیت و بدنبال آن کاهش مقاومت به عوامل بیماری‌زا و افزایش بیماری‌های ژنتیکی خواهد شد. در حالی که لازم است برای حفظ ذخایر ژنتیکی و ازدیاد آن‌ها طرح‌ها و برنامه‌های اصلاح نژادی مناسب داشته باشیم. امروزه با استفاده از تکنولوژی‌های پیشرفته و نسبتاً ارزان تعیین ژنوتیپ، می‌توان به ژنوتیپ هر جمعیت پی‌برد و از طریق آن انتخاب را بهتر و با اطمینان بیشتری انجام داد. از آنجایی که انتخاب ژنومیک بهترین راه برای رسیدن به اهداف اصلاح نژادی است توصیه می‌شود به این مهم بیشتر پرداخته شود. تخمین اندازه موثر جمعیت که مسئله مطرح شده در این مطالعه نیز بود از طریق تعیین نشانگرهای SNP و عدم تعادل لینکاژی بهتر و با دقت بالاتری تخمین زده می‌شود. پیشنهاد می‌شود که با توجه به اینکه نژادهای بومی در همه جای دنیا مورد توجه هستند و برای حفظ تنوع و افزایش کمی و کیفیت تعداد افراد در جمعیت‌ها تلاش‌هایی صورت می‌گیرد، در ایران نیز با استفاده از تکنولوژی‌های موجود برای انجام بهتر برنامه‌های اصلاح نژادی و کمک به حفظ گونه‌ها و نژادهای بومی تلاش شود تا در آینده دور شاهد از بین رفتن نژادهای بومی نباشیم.

منابع

1. Tenesa A, Navarro P, Hayes BJ, Duffy DL, Clarke GM, Goddard ME, Visscher PM. Recent human effective population size estimated from linkage disequilibrium. *Genome Res.* 2007;2:520-526.
2. Flury C, Tapio M, Sonstegard T,

نتایج ما نشان‌دهنده کاهش در اندازه موثر جمعیت نژاد اسب کرد است و همان‌طور که نشان داده شد اندازه موثر جمعیت اسب نژاد کرد به ۲۶ راس رسیده است. در حالی که، در اسب جیجو در ۱ تا ۵ نسل قبل تعداد آن به ۴۱ راس رسیده بود (۷). این در حالی است که اندازه موثر جمعیت در اسب تروربد در مطالعه Lee و همکاران (۲۱۰۴) تا ۱۰ نسل قبل روند کاهشی داشته است اما بعد از آن تا نسل حاضر روند افزایشی نشان داده است (۱۶). اندازه موثر جمعیت برابر با ۵۰ برای کاهش هم‌خونی در بیش از ۵ نسل در جمعیت‌های وحشی کافی نیست بلکه اندازه موثر حداقل ۱۰۰ می‌تواند از هم‌خونی جلوگیری کند و موجب حفظ تنوع شود. با این حال، حتی اندازه موثر ۵۰۰ نیز برای حفظ پتانسیل تکامل مناسب نیست. بنابراین، بهترین اندازه موثر جمعیت برای حفظ پتانسیل تکامل ۱۰۰۰ در نظر گرفته شده است (۸، ۱۷). در مطالعه Bazvand و همکاران (۲۰۲۴) که ساختار جمعیت در سه اسب ایرانی ترکمن، کاسپین، کرد، عربی، Fell pony و آخال تکه مورد بررسی قرار گرفت، اسب کرد کمترین هم‌خونی را نشان داد (۱۸). این نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالاتر در اسب نژاد کرد در بین این نژادها است. این نتایج با مطالعه Yousefi و همکاران (۱۹) و Ala و Amjadi و همکاران (۲۰) نیز همخوانی دارد. در مطالعه Yousefi و همکاران (۱۹) که میزان هتروزیگوزیستی در سه اسب تروربد، عرب ایرانی و کرد بررسی شد، هتروزیگوسیته در اسب کرد (۰/۳۴۲) بالاتر از سه نژاد دیگر گزارش شد که نشان‌دهنده تنوع بیشتر اسب کرد نسبت به اسب عرب و تروربد است. با این حال، با توجه به اینکه اندازه موثر جمعیت در اسب کرد ایرانی ۲۶ تخمین زده شده است و از حد آستانه کمتر است این نژاد نیاز به توجه بیشتر دارد.

Animal. 2017;10(11):1778-1785.

11. Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MAR, Bender D, Sham, PC. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Ame J Hum Genet.* 2007;81(3):559-575.

12. Nazari F, Seyedabadi HR, Noshari A, Emamjomeh Kashan N, Banabazi MH. Assignment test in Kurdish horse population using SNP chip. *J Anim Environ.* 2023; 15(4):33-40.

13. Corbin LJ, Blott SC, Swinburne JE, Vaudin M, Bishop SC, Woolliams JA. Linkage disequilibrium and historical effective population size in the Thoroughbred horse. *Anim Genet.* 2010; 41(2):8-15.

14. Mohammadi H, Rafat SA, Moradi Shahrababak H, Shodja J, Moradi MH. Estimation of linkage disequilibrium and whole-genome scan for detection of loci under selection associated with body weight in Zandi sheep breed. *Agric Biotechnol J.* 2017;9(4):151-172. [in Persian]

15. Khatkar MS, Nicholas FW, Collins AR, Zenger KR, Cavanagh JA, Barris W, Schnabel RD, Taylor JF, Raadsma HW. Extent of genome-wide linkage disequilibrium in Australian Holstein-Friesian cattle based on a high-density SNP panel. *BMC Genom.* 2008;9:187.

16. Lee YS, Woo Lee J, Kim H. Estimating effective population size of thoroughbred horses using linkage disequilibrium and theta ($4N\mu$) value. *Livest Sci.* 2014;168:32-37.

17. Frankham R, Bradshaw CJA, Brook BW. Genetics in conservation management : Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biol Conserv.* 2014;170:56-63.

18. Bazvand B, Rashidi A, Zandi MB, Moradi MH, Rostamzadeh J. Genome-wide analysis of population structure, effective

Drögemüller C, Leeb T, Simianer H, Rieder S. Effective population size of an indigenous Swiss cattle breed estimated from linkage disequilibrium. *J Anim Breed Genet.* 2010;127(5):339-347.

3. Barbato M, Orozco-ter Wengel P, Tapio M, Bruford MW. SNeP: A tool to estimate trends in recent effective population size trajectories using genome-wide SNP data. *Front Genet.* 2010;6:109.

4. Kim E, Kirkpatrick BW. Linkage disequilibrium in the North American Holstein population. *International Society for Animal Genetics, Anim Genet.* 2009; 2000:279-288.

5. Qanbari S, Pimentel ECG, Tetens J, Thaller G, Lichtner P, Sharifi AR, Simianer H. The pattern of linkage disequilibrium in German Holstein cattle. *Anim Genet.* 2010; 41(4):346-356.

6. Hayes BJ, Visscher PM, McPartlan HC, Goddard ME. Novel multilocus measure of linkage disequilibrium to estimate past effective population size. *Genome Res.* 2003;13(4): 635-643.

7. Do KT, Lee JH., Lee HK, Kim J, Park KD. Estimation of effective population size using single-nucleotide polymorphism (SNP) data in Jeju horse. *J Anim Sci Technol.* 2014; 56(1):28.

8. Zhao F, Wang G, Zeng T, Wei C, Zhang, L, Wang H, Zhang SH, Liu R, Liu Z, Du L. Estimations of genomic linkage disequilibrium and effective population sizes in three sheep populations. *Livest Sci.* 2014; 170:22-29.

9. Prieur V, Clarke SM, Brito LF, McEwan JC, Lee MA, Brauning R, Dodds KG, Auvray B. Estimation of linkage disequilibrium and effective population size in New Zealand sheep using three different methods to create genetic maps. *BMC Genet.* 2017;18(1):68.

10. Hall SJG. Effective population sizes in cattle, sheep, horses, pigs and goats estimated from census and herdbook data.

20. Ala Amjadi M, Mehrbani Yeganeh H, Sadeghi M, Abbas Raza SH, Yang J, Amirpour Najafabadi H, Batool U, Shoorei H, Abdelnour SA, Zaheer Ahmed J. Microsatellite analysis of genetic diversity and population structure of the Iranian Kurdish horse. *J Equine Vet Sci.* 2021;98: 103358.

population size and inbreeding in Iranian and exotic horses. *PLoS ONE.* 2024;19(3): e0299109.

19. Yousefi-Mashouf N, Mehrabani-Yeganeh H., Nejati-Javaremi A, Bailey E, Petersen JL. Genomic comparisons of Persian Kurdish, Persian Arabian and American Thoroughbred horse populations. *PLoS One.* 2021;16(2):e0247123.