

## چکیده:

این تحقیق با هدف بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت‌های اسب بر اساس استفاده از نشانگرهای چند شکل تک نوکلئوتیدی انجام شد. بدین منظور تعداد ۲۸۸ حیوان از ۴ نژاد اسب ایرانی مورد نمونه‌برداری قرار گرفتند. تعیین ژنوتیپ نمونه‌ها با استفاده از تراشه ژنومی Equine 50k انجام شد. روش‌های متعددی از قبیل PCA، Admixture، MDS و hClust جهت بررسی ساختار ژنتیکی در این مجموعه داده بکار گرفته شد تا بر اساس شباهت‌ها و تفاوت‌های بین حیوانات ساختار جمعیت‌ها مشخص گردد. الگوریتم خوشه‌بندی شبکه‌ای بدون نظارت یا SPC که روش مبتنی بر داده کاوی است نیز جهت تعیین خرده جوامع موجود درون هر جمعیت استفاده شد. هدف از بکار بردن این روش، دستیابی به ساختار جمعیتی بدون هیچ گونه آگاهی از اطلاعات شجره‌ای افراد است. اجرای SPC بر روی داده‌های موجود سبب شد که بطور موثری حیوانات را به جمعیت‌های خاص خود اختصاص داده و همزمان ساختار جمعیتی در درون و بین نژادها مشخص شود. در کل نتایج حاصل از این مطالعه نشان دهنده مطابقت خوشه‌بندی ژنتیکی جمعیت‌ها با فواصل جغرافیایی آنهاست. این روش به محقق این امکان را می‌دهد که ساختار جوامع متشکل از هزاران حیوان را بدون داشتن هر گونه اطلاعاتی از شجره و نژاد، تجزیه و تحلیل کند. در نهایت نیز با بکارگیری روش SVM امکان درصد ترکیب ژنی افراد از نژادهای گوناگون فراهم گردید. چشم‌انداز کلی این طرح تعیین تعلق یا وابستگی نژادی هر یک از اسب‌های به یکی از نژادهای اسب اصیل بود که می‌تواند نقش بسیار مهمی در تعیین میزان خلوص و انحرافات ژنتیکی با هدف تشخیص میزان و درصد ناخالصی نژادی داشته باشد.

کلمات کلیدی: اسب، ساختار ژنتیک، PCA، Admixture، MDS، hClust، SVM