بررسی رابطه‌ی چند شکلی ژنDGAT1 با وزن دنبه و ضخامت چربی پشت در گوسفندان لری بختیاری

حسین محمدی*[۱]، محمد مرادی شهر بابک[۲] و مصطفی صادقی[۲]

تاریخ دریافت: ۸۹/۵/۲۲ تاریخ پذیرش: ۹۰/۱۲/۱٤

[۱] دانشجوی دکتری گروه علوم دامی، دانشگاه تبریز

[۲] استاد و استادیار گروه علوم دامی، دانشگاه تهران

*مسئول مکاتبه: Email: mohammadi37@tabrizu.ac.ir

چکیده

یکی از روش‌های رایج که می‌تواند باعث بهبود صحت پیش بینی و پاسخ به انتخاب شود، انتخاب بر اساس نشانگرها است. دی آسیل گلیسرول آسیل ترانسفراز(*DGAT1*)، یک آنزیم میکروزومی است که نقش مهمی در متابولیسم گلیسرو لیپید دارد. این آنزیم مرحله نهائی سنتز تری گلیسریدها، تبدیل دی آسیل گلیسرول به تری آسیل گلیسرول را کاتالیز می‌کند. گوسفند لری بختیاری یک از نژادهای مهم ایران جهت تولید گوشت است اما دارای بیشترین وزن دنبه نسبت به سایر نژادها است. هدف این تحقیق تعیین تنوع ژنتیکی گوسفندان لری بختیاری در جایگاه اگزون ۱۷ ژن *DGAT1* و تأثیر چند شکلی این جایگاه بر کیفیت لاشه بود. در این مطالعه از ۱۵۲ رأس گوسفند لری بختیاری کشتار شده در کشتارگاه صنعتی در استان قم در سال ۸۸ رکورد گیری انجام شد. پس از استخراج DNA به روش نمکی، قطعه ۳۰۹ جفت بازی از این ژن در ناحیه اگزون ۱۷ با واکنش زنجیره‌ای پلیمراز(PCR) تکثیر شد. محصولات PCR با روش RFLP و با استفاده از آنزیم برشی A*lu*I هضم شدند. نتایج حاکی از وجود ۳ نوع ژنوتیپ TT، TC و CC به ترتیب با فراوانی های ۰/۵۵۸، ۰/۳۷۸ و ۰/۰٦٤ بود. آنالیز آماری ارتباط معنی‌داری را بین صفات وزن دنبه و ضخامت چربی پشت با ژنوتیپ‌ها نشان داد، بطوریکه ژنوتیپ CC به طور معنی‌داری (P<۰/۰۵) دنبه سنگین‌تر و ضخامت چربی بیشتری نسبت به ژنوتیپ TT داشتند. به عنوان نتیجه، چند شکلی ژنتیکی در این جایگاه می‌تواند به عنوان یک ابزار مفید در برنامه‌های انتخاب بر اساس نشانگرها مورد استفاده قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: چند شکلی، ژن DGAT1، گوسفند لری بختیاری، وزن دنبه، ضخامت چربی پشت

Association of the DGAT1 gene polymorphism with fat-tail weight and backfat thickness in Lori-Bakhtiari sheep

H Mohammadi[1*], M Moradi shahrebabak[2] and M Sadeghi[2]

Received: August 13, 2010 Accepted: March 4, 2012
[1] Ph D Student, Department of Animal Science, University of Tabriz, Iran
[2] Professor and Assistant Professor, Department of Animal Science, University of Tehran, Iran
[*]Corresponding author: E-mail: mohammadi37@tabrizu.ac.ir

Abstract
Marker assisted selection is one of the common methods which can improve the accuracy and response to selection. Diacylglycerol acyltransferase1 enzyme (DGAT1) is a Microsomal enzyme that plays an important role in lipid metabolism. *DGTA1* encodes the catalyst enzyme of the reaction between diacylglycerol and acyl-CoA. This reaction is a final step in the synthesis of triglyceride. Lori-Bakhtiari sheep is an important breed for meat production but it has the highest fat-tail weight than other breeds. The aim of this research was to determine the genetic diversity of *DGAT1* gene and its effect on carcass quality in this breed. In this study, the records on 152 Lori-Bakhtiari sheep which slaughtered in the abattoir industry in Qom province in 2009 were used. DNA was extracted using salting-out method, and 309 bp fragment of exon 17 was amplified with polymerase chain reaction then restricted using *AluI*. The results revealed three genotypes TT, TC and CC, with frequencies of respectively 0.558, 0.378 and 0.064. The results of this experiment showed that there is a significant correlation between some of genotypes with fat-tail weight and backfat thickness, so that the CC genotype significantly ($P<0.05$) heavier fat-tail and higher backfat thickness than TT genotypes. Thus some polymorphisms at this gene forms may be a useful tool in marker assisted selection programs.

Key words: Back fat thickness, Fat-tail weight, DGAT1 gene, Lori Bakhtiari sheep, Polymorphism

مقدمه

دنبه نقش مهمی در سازگاری گوسفند تحت شرایط تنش غذایی و بخصوص جائی که دسترسی به مواد غذائی و علوفه فصلی می‌باشد، دارد. شرایط اقلیمی، سیستم‌های پرورش باز، شرایط محیطی فقیر و نیاز مردم به چربی، تولید کنندگان گوسفند را به سمت انتخاب برای دنبه بزرگتر در خلال نسل‌های گذشته سوق داده است (وطن خواه ۱۳۸٤). گوسفند نژاد لری بختیاری یکی از نژادهای دنبه‌دار و سنگین وزن کشور است و بیشترین درصد دنبه را در بین نژادهای دنبه دار در کشور دارد. این نژاد بیشتر در استان چهار محال و بختیاری تحت سیستم-های عشایری و روستائی پرورش داده می‌شود. این استان یکی از قطب‌های پرورش دام محسوب شده، بطوریکه تراکم دام در این استان بیش از ٤ برابر تراکم دام در کشور است (بی نام ۱۳۸۷). جمعیت گوسفند لری بختیاری در این استان بیش از ۱۷۰۰۰۰۰رأس است و سالانه با تولید بیش از۲۳۰۰۰ هزار تن گوشت قرمز نقش قابل توجهی در تولید پروتئین حیوانی دارد (بی‌نام ۱۳۸۷). بخش اعظم گوسفندان در این استان تحت سیستم روستائی یا به روش نیمه متحرک و روستائی (-بیش از یک میلیون رأس) پرورش می‌یابند. با توجه به کم شدن سطح و مقدار تولید مراتع روند پرورش گوسفند تحت سیستم بسیار باز و باز رو به کاهش و پرورش تحت سیستم روستائی رو به افزایش است، که مقدار نهاده در آن بیشتر از سیستم عشایری است. در این سیستم جهت مقرون به صرفه بودن پرورش، میزان

تولیدات به ازای هر حیوان باید افزایش یابد (وطن خواه ۱۳۸٤). کاهش میزان چربی نسبت به لاشه از دو طریق بر سود مؤثر است، اول با افزایش سرعت رشد و بهبود کیفیت لاشه منجر به افزایش درآمد می‌شود، زیرا بازار پسندی لاشه افزایش و در نتیجه قیمت محصول افزایش می یابد. دوم با کاهش هزینه غذا به ازای هر کیلوگرم وزن زنده یا لاشه میزان سود حاصل افزایش می‌یابد (جونس و همکاران ۱۹۹۲). کنترل میزان ذخیره چربی در ناحیه پشت از جنبه اقتصادی اهمیت زیادی دارد. زیرا ضخامت چربی پشت رابطه بسیار قوی با چربی کل لاشه و درصد تولیدات بخش‌های مختلف لاشه دارد (مارینا و همکاران ۲۰۰۹). همچنین در تحقیقات مختلفی به اثبات رسیده است که عمق چربی بین دنده دوازده و سیزده ٤۰ تا ۷٦ درصد از تنوع در میزان چربی لاشه و ٤٤ تا ۷۲ درصد از تنوع در میزان گوشت لاشه را تشریح می‌کند (جونس و همکاران ۱۹۹۲ و کرتون و همکاران ۱۹۸۵).

از اهداف تشخیص جایگاه‌های ژنی مرتبط با صفات کمی(QTL)، یافتن جایگاه ژن‌های مؤثر بر صفات اقتصادی مرتبط با کیفیت لاشه است که اندازه‌گیری این صفات احتیاج به کشتار دام دارد، در این حالت شناسایی ژن‌های دارای چند شکلی با اثرات عمده بر این صفات اقتصادی اهمیت خاصی در پیشرفت برنامه‌های اصلاح نژادی می‌تواند داشته باشد. مطالعات برای یافتن ژن‌های مؤثر بر ذخیره چربی در گاوهای گوشتی منجر به کشف ژن *DGAT1* شد که به عنوان ژن کاندیدا برای کمیت و کیفیت گوشت بررسی و نقش آن در نژادهای مختلف دام شناخته شده است. دی آسیل گلیسرول آسیل ترانسفراز *DGAT1* (EC: 2.3.1.20) یک آنزیم میکروزومی است که نقش مهمی در متابولیسم گلیسرو لیپید دارد. این آنزیم مرحله نهائی سنتز تری گلیسریدها، تبدیل دی آسیل گلیسرول به تری آسیل گلیسرول را کاتالیز می‌کند (وینتر و همکاران ۲۰۰۲). علاوه بر نقش مهم *DGAT1* در سنتز تری گلیسریدها و ذخیره انرژی، این آنزیم در جذب چربی از روده، پیوند لیپید و پروتئین و تشکیل لیپو پروتئین‌ها و تنظیم غلظت تری گلیسرید پلاسما، ذخیره چربی در سلول‌های چربی و متابولیسم انرژی در ماهیچه پستانداران نقش مهمی دارد (کسیس و همکاران ۱۹۹۸). این ژن در گاو در انتهای سانترومری کروموزوم ١٤ با اثرات عمده بر درصد چربی شیر در گاوهای شیری (بوون هویس و همکاران ۲۰۰۲) و ضخامت چربی پشت در گاوهای گوشتی (تالر و همکاران ۲۰۰۳) به اثبات رسیده است. این ژن با طول تقریبی ۸/۵ کیلو باز دارای ۱۷ اگزون و ١٦ اینترون است (سوزا و همکاران ۲۰۱۰). جهش در اگزون ۱۷ اتفاق افتاده است که به صورت تغییر T به C می‌باشد و این جهش توسط آنزیم برشی *Alu*I قابل شناسائی است (ژو و همکاران ۲۰۰۹). ژن *DGAT1* بیشتر در گاو مطالعه شده است و در گوسفند بسیار کم بررسی شده است. تحقیقاتی که توسط مویلی و همکاران (۲۰۰۷) در گوسفندان نژادهای فرانسه (Lacaune و Manech)، ایتالیا (Massa و Sarda) و اسپانیا (Churra، Merino، manchega و segurena) جهت برآورد تأثیر ژن‌های کاندیدا بر صفات تولیدی انجام گرفت، نشان دادند که مؤثرترین ژن کاندیدا بر مقدار و درصد چربی شیر روی کروموزوم ۹ گوسفند (OAR9) قرار دارد. که همولوگ آن در گاو روی کروموزوم ١٤ است (باریلت و همکاران ۲۰۰۵). تنها یک تحقیق توسط ژو و همکاران (۲۰۰۹) روی ژن *DGAT1* در نژادهای مختلف گوسفند چینی انجام گرفته است. در مطالعه آنها ژن *DGAT1* جهت شناسائی ژن کاندیدا با اثر عمده بر کمیت و کیفیت لاشه گوسفندان بررسی شد. در تحقیق آنها با شناسائی یک چند شکلی جدید در ناحیه اگزون ۱۷ بود و با آنالیز آماری روی داده‌ها چند شکلی اثر معنی داری بر میزان چربی داخل ماهیچه‌ای داشت. تا کنون هیچ پژوهش مولکولی در نژادهای دنبه‌دار جهت بررسی ارتباط این چند شکلی بر میزان تولید و ذخیره چربی صورت نگرفته است. بنابراین، هدف از انجام این تحقیق شناسائی ژنوتیپ‌های ژن *DGAT1* در اگزون ۱۷ و اثر آن

بر کیفیت لاشه در گوسفندان لری بختیاری به کمک روش PCR-RFLP بود.

مواد و روش‌ها

رکورد برداری و خونگیری

این مطالعه با استفاده از رکوردهای ۱۵۲ رأس گوسفند لری بختیاری که برای ذبح به کشتارگاه صنعتی قم از اواسط تیر ماه تا اواسط مرداد سال ۸۸ آورده شده بودند، انجام شد. گوسفندان مورد آزمایش به طور تصادفی از بین گوسفندان آماده کشتار انتخاب گردیدند. به طور متوسط روزانه ۷ تا ۸ رأس گوسفند به طور تصادفی از هر دو جنس مورد رکورد برداری شد. شب قبل از کشتار دام‌های مورد نظر شناسائی و شماره‌زنی شده و جنس، سن و وزن زنده دام یادداشت شد. از هر دام ۵ میلی‌لیتر خون در لوله‌های ونوجکت حاوی EDTA (۰/۵ مولار با pH۸) از سیاهرگ گردن(وداج) جمع آوری شد و بلافاصله به دورن یخ منتقل شد. پس از ذبح گوسفندان، و تخلیه امعاء و احشاء از حفره بطنی ضخامت چربی پشت بوسیله کولیس بین دنده دوازده و سیزده اندازه‌گیری شد. لاشه گرم توزین و بعد از جدا کردن دنبه از بدن دوباره لاشه بدون دنبه توزین و ثبت شد.

استخراج DNA و اندازه‌گیری کیفیت وکمیت DNA

استخراج **DNA** پس از بهینه سازی روش استخراج نمکی (میلر و همکاران ۱۹۹۸) انجام شد. کیفیت و کمیت DNAهای استخراج شده توسط دستگاه نانودراپ با نسبت طول موج A_{260}/A_{280} (نشانگر خلوص) و مقدار جذب در A_{260} (نشانگر کمیت) تعیین شد. همچنین برای اطمینان از عدم شکستگی و تعیین غلظت DNA، الکتروفورز روی ژل آگاروز ۱٪ انجام شد.

مراحل انجام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز و هضم برای ژن DGAT1

آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق، شرایط دمائی و زمانی چرخه‌های PCR بر اساس اطلاعات ژو و همکاران (۲۰۰۹) بود. از دو پرایمر زیر به منظور تکثیر قطعه ۳۰۹ جفت بازی از اگزون ۱۷ ژن موردنظر استفاده شد.

Forward: 5´-GCA TGT TCC GCC CTC TGG-3´;
Reverse: 5´-GGA GTC CAA CAC CCC TGA-3´

الگوی چرخه‌های تکثیر به صورت زیر بود: ۵ چرخه ۹٤ درجه ۳۰ ثانیه، ۵۵-٦۰ درجه ۳۰ ثانیه، ۷۲ درجه ۳۰ ثانیه و در نهایت ۳۰ چرخه در ۹٤ درجه ۳۰ ثانیه، ۵۵ درجه ۳۰ ثانیه و ۷۲ درجه ۳۰ ثانیه و بسط نهائی ۷۲ درجه به مدت ۱۰ دقیقه در دستگاه ترموسایکلر مدل FTGRAD2D شرکت TECHNE ساخت انگلیس بود. اجزای واکنش در حجم ۲۵ میکرولیتر واکنش شامل ۱۰۰-۵۰ نانوگرم DNA، بافر 1x، ۱ میکرولیتر از هر پرایمر (۱۰پیکو مول)، ۰/۲ میلی مول dNTPs، ۲/۵ میلی مول MgCl2 و ۱ واحد آنزیم تک پلی‌مراز (متابیون، آلمان) بود. برای تعیین ژنوتیپ ژن *DGAT1*، نمونه‌ها در میکروتیوب‌های واکنش هضم، ۷ میکرولیتر محصول PCR، ۱/۵ میکرولیتر بافر۱۰X و ۱/۵ واحد آنزیم برشی به مدت ۱۲ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتیگراد انجام گرفت. محصولات هضم شده واکنش زنجیره‌ای پلیمراز روی ژل آگارز ۲٪ الکتروفورز شده و با اتیدیوم بروماید رنگ آمیزی شد.

آنالیز آماری صفات کمی

پس از دسته بندی و وارد کردن داده ها به رایانه، جهت تعیین اثر عوامل ثابت بر متغیرها داده‌ها بوسیله تجزیه حداقل مربعات و با استفاده از رویه GLM نرم افزار SAS و مدل آماری زیر تجزیه شدند.

$$y_{ijklo} = \mu + A_i + S_j + CG_k + G_l + B(W_{ijklo} - \overline{W}) + (AG)_{il} + (SG)_{jl} + e_{ijklo}$$

y_{ijklo}: مشاهدات مربوط به صفات وزن دنبه و ضخامت چربی پشت.

μ: میانگین جمعیت، A_i: اثر i امین سن حیوان در هنگام خونگیری، Sj: اثر j امین جنس حیوان (نر، ماده)، CG_K: اثر k امین گروه کشتار، G_l: اثر l امین ژنوتیپ *DGAT1*، B: ضریب تابعیت Y روی W (وزن دام‌ها در هنگام

خونگیری)، W_{ijklo}: وزن دامها در هنگام خونگیری، $\overline{W}$: میانگین وزن دام‌ها در هنگام خونگیری، $(AG)_{il}$: اثر متقابل بین سن و ژنوتیپ، $(SG)_{jl}$: اثر متقابل بین جنس و ژنوتیپ و e_{ijklo}: اثر باقیمانده

بعد از تعیین اثرات ثابت در مدل اثر گروه کشتاری و اثرات متقابل به علت معنی دار نبودن از مدل حذف شدند و مدل نهایی آنالیز شد. همچنین مقایسه میانگین‌ها با آزمون توکی انجام گرفت و در نهایت بعد از محاسبه فراوانی آللی، آزمون کای مربع جهت تست تعادل هاردی واینبرگ با استفاده از نرم افزار SAS با رویه FREQ انجام شد.

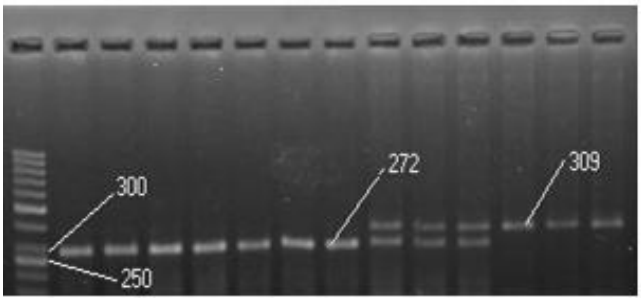
نتایج و بحث

استفاده از روش استخراج نمکی جهت استخراج DNA از نمونه خون کمیت و کیفیت بسیار خوبی داشت و تقریباً عاری از آلودگی بود و آن را برای کارهای مولکولی از جمله PCR بسیار مناسب می‌ساخت.

تکثیر قطعه ۳۰۹ جفت بازی از ژن *DGAT1* به وسیله واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با استفاده از آغازگرهای اختصاصی بعد از بهینه سازی به خوبی صورت گرفت.

نتیجه هضم محصولات PCR ژن *DGAT1* توسط آنزیم برشی *Alu*I و ژنوتیپ‌های حاصل در شکل ۱ نشان داده شده است. گوسفندان با ژنوتیپ هتروزیگوت (TC) دارای قطعات ۳۰۹، ۲۷۲ و ۳۷ جفت بازی بودند. در ژنوتیپ (TT) قطعه ۳۰۹ به دو قطعه ۲۷۲ و۳۷ جفت بازی برش داده می‌شوند. در ژنوتیپ (CC) نیز قطعه ۳۰۹ جفت بازی بدون برش باقی می‌ماند.

ژنوتیپ TT بیشترین فراوانی را در دام‌های مورد بررسی نشان داد. ژنوتیپ هتروزیگوت (TC) فراوانی پایینی (۳۷٪) را نسبت به ژنوتیپ TT نشان داد. ژنوتیپ-های CC کمترین میزان فراوانی را داشت. بیشترین فراوانی آللی به میزان ۰/۷٤٦ برای T بدست آمد. همچنین فراوانی آللی C به میزان ۰/۲٥٤ بود. بعد از محاسبه فراوانی آللی، آزمون کای مربع نشان داد که تعادل هاردی واینبرگ در این جمعیت برای جایگاه ژن *DGAT1* برقرار نیست (P< ۰/۰۰۱). عدم تعادل در این جایگاه احتمالاً نشان دهنده حضور بعضی عوامل بر هم زننده تعادل، از جمله مهاجرت و انتخاب است. که مهاجرت خصوصاً در مورد نرهایی که از گله‌های دیگر وارد می-شوند، نقش به سزائی دارد. البته اندازه نمونه مورد بررسی هم در این امر می‌تواند مؤثر باشد.



شکل ۱- الکتروفورز محصولات هضم حاصل از هضم آنزیم برشی *Alu*I بر روی ژل آگارز(۲٪). قطعه ۳۷ جفت بازی در تصویر مشخص نمی‌باشد. نشانگر اندازه ۵۰ جفت بازی برای تعیین قطعات استفاده شد.

تعداد دام و میانگین حداقل مربعات صفات مورد بررسی در گروه جنسی و سنین مختلف در جدول ۱ نشان داده شده است. وزن دنبه فقط در جنس‌های مختلف معنی دار بود (P<۰/۰۵) بطوریکه دامهای نر در مقایسه با دامهای ماده وزن دنبه سنگینتری داشتند. سن دام در هر دو صفت مورد بررسی اثر معنی‌داری داشت (P<۰/۰۵). دامها در سالهای مختلف دارای اختلاف معنی دار (P<۰/۰۵) در ضخامت چربی پشت بودند ولی در مورد وزن دنبه، دامها در سن سه و چهار سالگی دارای اختلاف معنی دار نبودند (P>۰/۰۵) اما با سالهای یک و دو سالگی دارای اختلاف معنی داری داشتند (P<۰/۰۵).

اثرات ژنوتیپ بر صفات مورد بررسی در جدول ۲ نشان داده شده است. اثر ژنوتیپ‌های مختلف بر وزن دنبه معنی‌دار بود (P<۰/۰۵). بیشترین وزن دنبه مربوط به ژنوتیپ CC بود، بطوریکه تفاوت بین ژنوتیپ‌های TT و CC با هتروزیگوت معنی‌دار نبود اما تفاوت بین

هموزیگوت‌های غالب و مغلوب معنی‌دار بود. در مورد ضخامت چربی پشت بین ژنوتیپ‌های TT و CC با هتروزیگوت معنی‌دار نبود ولی تفاوت بین ژنوتیپ‌های TT و CC معنی‌دار بود.

جدول ۱- تعداد دام و میانگین حداقل مربعات(±SE) وزن لاشه گرم، وزن دنبه و ضخامت چربی پشت در جنس و سنین مختلف

صفت	جنس		سن (سال)			
	نر	ماده	۱	۲	۳	٤
تعداد دام	۸۹	٦۳	۸۲	۱۷	۲۱	۳۲
وزن لاشه گرم(کیلوگرم)	۲۵/۲۸ ± ۰/۳۷	۲۰/۰۵ ± ۰/۷۳	۱۵/۸۰ ± ۰/۳٤	۲٤/۱۰ ± ۰/۹۲	۲۷/۸٤ ± ۱/۰۷	۳۰/٦۷ ± ۰/۹۲
وزن دنبه(کیلوگرم)	٤/۲۳ ± ۰/۲۳[a]	۲/۷۳ ± ۰/۲۳[b]	۲/۵۲ ± ۰/۱۰[c]	۳/٤۰ ± ۰/۳۲[b]	۵/٤۲ ± ۰/٤۱[a]	۵/٦۲ ± ۰/۳۰[a]
ضخامت چربی پشت(mm)	٤/٦۰ ± ۰/٤۰	۳/۵۱ ± ۰/۲۹	۱/۷٤ ± ۰/۰٤[d]	۲/۹۰ ± ۰/۷[c]	۳/۵۸ ± ۰/۹۳[b]	۵/۷۷ ± ۰/٤۵[a]

میانگین‌های دارای حروف انگلیسی متفاوت در هر سطح دارای اختلاف معنی دار در سطح ۰/۰۵ هستند.

در برخی تحقیقات آلل T به عنوان آلل مطلوب جهت اصلاح بهبود کیفیت لاشه معرفی شده است (وینتر و همکاران ۲۰۰۲، تانتیا و همکاران، ۲۰۰٦ و ژو و همکاران ۲۰۰۹). ژو و همکاران (۲۰۰۹) وجود یک چند شکلی ژن *DGAT1* را با آنزیم *AluI* در سه نژاد گوسفندان چینی با سه ژنوتیپ متفاوت بدون داشتن رابطه ژنتیکی را بررسی کردند و ارتباط بین این ژن و خصوصیات لاشه را مشخص نمودند و گزارش نمودند که دامهای با ژنوتیپ TT دارای میزان چربی داخل ماهیچه‌ای بیشتر و میزان ضخامت چربی پشت کمتری را نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها هستند. در این جایگاه ژنی در گاوهای گوشتی نژادهای مختلف در تحقیقات زیادی مورد مطالعه قرار گرفته و تأثیر آن به اثبات رسیده است (تالر و همکاران ۲۰۰۳، مور و همکاران ۲۰۰۳، کیوهن و همکاران ۲۰۰٤ و تانتیا و همکاران ۲۰۰٦). درست است که این آلل تأثیر معنی‌داری روی چربی لاشه دارد، اما باید توجه داشت در این تحقیق تنها یک جهش در سطح این ژن بررسی شد که بر کیفیت لاشه در گوسفندان دنبه‌دار تأثیر معنی-داری داشت و این تأثیر می‌تواند ناشی از اثر مستقیم این جهش یا جهش‌های دیگر در نواحی مجاور و یا ژن‌های پیوسته با این مکان باشد. بنابراین برای اطمینان از نتایج تحقیق حاضر و اثر مستقل این جهش باید تمامی جهش‌ها موجود در نواحی مختلف این ژن در تحقیقات آینده بررسی گردد.

جدول ۲- تعداد دام و میانگین حداقل مربعات(±SE) اثر ژنوتیپ‌های مختلف

صفت	ژنوتیپ		
	TT	TC	CC
تعداد دام	۹۹	۲۹	۲٤
وزن لاشه گرم	۲۱/٦۰ ± ۰/۲۵	۲۲/٤۰ ±۰/۵٤	± ۰/۲۸
		۲۳/۸۳	
وزن دنبه	۲/۱۵ ± ۰/۰٦[a]	۲/۸۱ ± ۰/۱٦[ba]	± ۰/۱۹[b]
		۳/۰۳	
ضخامت چربی پشت	۳/۰۱ ± ۰/۱٦[a]	۳/۲۵ ± ۰/۳۲[a]	± ۰/۳۷[b]
		٤/۱٤	

میانگین‌های دارای حروف انگلیسی متفاوت در هر سطح دارای اختلاف معنی دار در سطح ۰/۰۵ هستند.

این تحقیق وجود چند شکلی ژنتیکی ژن*DGAT1* را در جمعیت گوسفند لری بختیاری به خوبی نشان داد. با توجه به این که این ژن در گوسفندان لری بختیاری چند شکلی دارد و از آن جائی‌که ژن *DGAT1* یک ژن مؤثر در رابطه با سنتز و ذخیره چربی دام‌ها می‌باشد (ژو و همکاران ۲۰۰۹) ضروری است برای صفات مربوط به چربی لاشه و دنبه اطلاعات لازم را از دامهای شجره‌دار

جمع آوری نمود و با کمک آنها پیوستگی آلل‌های مربوط را با سنتز و ذخیره چربی را محاسبه کرد. با توجه به ارتباط معنی‌دار چند شکلی در ژن *DGAT1* با صفات ذخیره چربی می‌توان انتظار داشت که از این چندشکلی به عنوان یک نشانگر ژنتیکی در برنامه‌های اصلاح نژاد کیفیت لاشه استفاده شود.

نتیجه گیری

تنوع قابل ملاحظه‌ای وزن دنبه امکان تغییر ژنتیکی اندازه دنبه را از طریق انتخاب فراهم می‌سازد. همچنین با توجه به همبستگی ژنتیکی بالای ضخامت چربی پشت بین دنده دوازده و سیزده با چربی کل لاشه و وزن لاشه می‌توان در برنامه‌های انتخاب با کاهش ضخامت چربی در ناحیه مذکور، چربی لاشه را کاهش داد و انتخاب می‌تواند بر اساس شاخصی باشد که ضمن ثابت نگه داشتن میزان گوشت، میزان چربی را کاهش دهد. اگر چه صفات مربوط به کیفیت لاشه (وزن دنبه و ضخامت چربی پشت) توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود ولی بعضی از این ژن‌ها دارای اثرات بیشتری بوده و نقش آنها در مطالعات مختلف با اثبات رسیده است. ولی بخشی از این اثرات معنی‌دار می‌تواند به دلیل پیوستگی این جایگاه‌های با جایگاه‌های دیگر باشد. در گاوهای گوشتی پیوستگی متفاوتی از ژن *DGAT1* با دیگر ژن‌های موثر بر کیفیت لاشه به ویژه ژن *TG* در کروموزوم ۱٤ گزارش شده است که می‌تواند بخشی از تفاوت در نتایج حاصل از مطالعات مختلف را سبب شود. اگر چه بدیهی است ژنوتیپ‌های مختلف در نژاد، کشور و یا زمان‌های مختلف تاثیر متفاوتی بر کیفیت لاشه دارند ولی به هر حال نتایج متناقض و متفاوت حاصل از تحقیقات انجام شده، ضرورت مطالعه جایگاه‌های چند شکلی دیگر در ژن *DGAT1* و ژن‌های پیوسته مجاور این ژن را نشان می‌دهد.

منابع مورد استفاده

بی نام، ۱۳۸۷. آمار نامه کشاورزی سال ۱۳۸۵. جلد دوم . دفتر آمار و و اطلاعات وزارت جهاد کشاورزی. ۲۸۸ ص.

بی‌نام، ۱۳۸۷. بررسی قابلیت‌ها و توانمندیهای بخش کشاورزی استان با نگاهی به عملکرد سازمان در سال ۸٦، معاونت برنامه ریزی و امور اقتصادی، اداره آمارو فناوری اطلاعات، سازمان جهاد کشاورزی استان چهار محال و بختیاری.

وطن خواه، م، ۱۳۸٤. تعیین مدل مناسب اصلاح نژاد گوسفند لری بختیاری در سیستم روستائی. پایان نامه دکتری، ژنتیک و اصلاح دام، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران.

Barillet F, Arranz JJ and Carta A, 2005. Mapping quantitative trait loci for milk production and genetic polymorphisms of milk proteins in dairy sheep. Genet Sel Evol 37: S109–S123.

Bovenhuis H and Schrooten C, 2002. Quantitative trait loci for milk production trait in dairy cattle. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, pp 235-237.

Cases S, Smith SJ, Zhang YW, Meyers HM, Lear SRE, Novak SS, Welch CCB, Lusis AJ and Erickson SK, 1998. Identification of a gene encoding an acyl CoA: diacylglycerol acyltransferase, a key enzyme in triacyl glycerol synthesis. Proc Natl Acad Sci 95: 13018-13023.

Jones SDM, Jeremiah LE, Tong AKW, Robertson WM and Gibson LL, 1992. Estimation of lamb carcass composition using an electronic probe, a visual scoring system and carcass measurements. Can J Anim Sci 72: 237-244.

Kirton AH, Duganzich DM, Feist CL, Bennett GL and Woods EG, 1985. Prediction of lamb carcass composition from GR and carcass weight. New Zealand Society of Animal Production 45: 63-65.

Kuhn CG, Thaller A, Winter ORP, Bininda-Emonds B, Kaupe G, Erhardt J, Bennewitz M, Schwerin D and Fries R, 2004. Evidence for multiple alleles at DGAT1 locus better explains a QTL with major effect on milk fat content in cattle. Genetics 167: 1873–1881.

Marina RS, Curi A, Chardulo L, Silveira C, Assumpcao EOD, Visintin JA and Oliveira N, 2009. Bovine gene Polymorphisms related to fat deposition and meat tenderness. Genet Mol Biol 32: 75-82.

Miller SA, Dykes DD and Polesky HF, 1998. A simple salting out procedure for extraction DNA from human nucleated cells. Nucl Acid Res 16: 1255-1257.

Moore SS, Basarab Li, C, Snelling J, Murdoch WM, Kneeland J, Hansen B and Benkel B, 2003. Fine mapping of trait loci and assessment of positional candidate genes for backfat on bovine quantitative chromosome 14 in commercial line of *Bos taurus*. J Anim Sci 81: 1919-1925.

Moioli B, Andrea MD and Pilla F, 2007. Candidate genes affecting sheep and goat milk quality. Small Rumin Res 68: 179-192.

SAS Institute, 1989. SAS User's Guide, Version9, vol. 1., 4th ed. SAS Institute Inc., Cary, NC.

Souza FRP, Mercadante MEZ, Fonseca LFS, Ferreira LMS, Regatieri IC, Ayres DR, Tonhati H, Silva SL, Razook AG and Albuquerque LG, 2010. Assessment of DGAT1and LEP gene polymorphisms in three Nelore (Bos indicus) lines selected for growth and their relationship with growth and carcass traits. J Anim Sci 88: 435-441.

Tantia MS, Vijh RK, Mishra BP, Mishra B, Kumar STB and Sodhi M, 2006. DGAT1 and ABCG2 polymorphism in Indian cattle (*Bos indicus*) and buffalo (*Bubalus bubalis*) breeds. BMC Vet Res 32: 1-5.

Thaller G, Kuhn C, Winter A, Ewald G, Bellmann O, Wegner J, Zuhlke H and Fries R, 2003. DGAT1, a new positional and functional candidate gene for intramuscular fat deposition in cattle. Anim Genet 34: 354-357.

Winter A, Krämer W, Werner FAO, Kollers S, Kata S, Durstewitz G, Buitkamp J, Womack JE, Thaller G and Fries R, 2002. Association of a lysine-232/alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-CoA: diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content. Proc Natl Acad Sci 14: 9300-9305.

Xu QL, Chen YL, Ma RX and Xue P, 2009. Polymorphism of DGAT1 associated with intramuscular fat-mediated tenderness in sheep. J Sci Food Agric 89: 232-237.