مقاله پژوهشی

مجله سلول و بافت (علمی - پژوهشی)
جلد ٤، شماره ٣، پاییز ١٣٩٢، ٣٢٩-٣٢٣

بررسی وجود جهش‌های FecB و $FecG^{H}$ در بزهای کاموری استان خوزستان

محمدرضا افضل زاده .M.Sc[1] ، قدرت الله محمدی .Ph.D[2*] ، حمید گله داری .Ph.D[3] ، هادی گنجعلی .M.Sc[1]

۱- دانش آموخته دانشکده دامپزشکی، دانشگاه شهید چمران، اهواز، ایران
۲- دانشکده دامپزشکی، گروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه شهید چمران، اهواز، ایران
۳- دانشکده علوم، گروه ژنتیک، دانشگاه شهید چمران، اهواز، ایران
* پست الکترونیک نویسنده مسئول: ghmohammadi9@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۱۳۹۱/۱۱/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۲/۲/۲۴

چکیده

هدف: هدف از این مطالعه تعیین وجود جهش‌های FecB و $FecG^{H}$ در بزهای نژاد کاموری استان خوزستان بود.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه پژوهشی، از ۴۰ راس بز کاموری با حداقل یک‌بار سابقه دوقلوزایی خون‌گیری به‌عمل آمد و DNA آن‌ها با روش اصلاح شده نمکی استخراج گردید و جایگاه ژن‌های FecB و GDF9 با استفاده از پرایمرهای اختصاصی تکثیر یافت.

نتایج: پس از تکثیر جایگاه ژن‌ها، محصولات ۱۹۰ و ۱۳۹ جفت بازی با استفاده از رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید مشاهده گردید. سپس محصولات به‌دست آمده به‌ترتیب در مجاورت آنزیم‌های اختصاصی AvaII و DdeI تیمار گردیدند. پس از هضم محصولات، مشاهده گردید که جهش‌های FecB و GDF9 در جمعیت مورد مطالعه وجود ندارد.

نتیجه گیری: در این مطالعه مشاهده شد که جهش‌های FecB و $FecG^{H}$ در بزهای نژاد کاموری استان خوزستان وجود ندارد و همه بزهای مورد مطالعه دارای ژنوتیپ نوع وحشی بودند. بنابراین این جهش‌ها نمی‌توانند از عوامل چندقلوزایی در این نژاد باشند و مطالعات بیشتری برای بررسی ژن‌های موثر بر چندقلوزایی و تعیین ژنوتیپ در این بزها مورد نیاز است.

واژگان کلیدی: بزهای کاموری، FecB، $FecG^{H}$، GDF9

مقدمه

طی دهه اخیر مطالعات گسترده‌ای برای افزایش میزان بهره‌وری در سطح دام‌داری‌ها خصوصا دام‌داری‌های گوسفند انجام گرفته است. در این میان یافتن ژن‌های موثر بر چندقلوزایی مورد توجه بسیاری از محققین قرار گرفته است. ژن‌های مهمی مانند FecB، GDF9 و BMP15 از اهمیت ویژه‌ای برخوردار هستند. این ژن‌ها جز فوق خانواده TGFβ می‌باشند. TGFβ، فوق خانواده‌ای است که دارای بیش از ۴۰ عضو می باشد. اعضای این فوق خانواده نقش مهمی در فرایندهای سلولی دارند و اغلب به‌عنوان فاکتورهای رشد عمل می‌کنند (۱، ۲ و ۳).

بزها حیواناتی هستند که نقش مهمی در اقتصاد خانوارهای روستایی و فقیر نشین دارند. این حیوانات اغلب برای تامین پروتئین، شیر، چرم و مو پرورش می‌یابند. اما بیشتر نژادهای بز برای تامین پروتئین و شیر در مناطق کمتر توسعه یافته و یا فقیر از نظر منابع طبیعی خصوصا مناطق کوهستانی پرورش می‌یابند. در سال ۲۰۱۰ تعداد کل بزها موجود در دنیا در حدود ۸۶۱ میلیون راس برآورد گردید (۴). حدود ۹۰ درصد جمعیت بزها در کشورهای در حال توسعه می‌باشد که در این میان بیشترین جمعیت در کشورهای هند، چین، بنگلادش، ایران، پاکستان و ترکیه می‌باشند (۵). کشور پاکستان با دارا بودن جمعیتی حدود ۵۶/۷ میلیون راس، بیشترین تعداد را دارد که معمولا در گله های متوسط و به‌عنوان واحدهایی جهت تولید شیر، گوشت، مو و پوست پرورش می‌یابند. از این میان در حدود ۲۵ نژاد بز در پاکستان شناسایی شده است که اکثریت آن‌ها از نوع نژاد گوشتی هستند. اما برخی از آن‌ها نیز شیری می‌باشند؛ از جمله معروف‌ترین این نژادها شامل بیتال، درادین پانها، ناچی و کاموری می‌باشند (۶). نژاد شیری کاموری با اندازه‌ای متوسط تا بزرگ و وزن ۴۴ تا ۵۰ کیلوگرم دارای پوشش بدن به رنگ قهوه‌ای تیره با لکه‌های قهوه‌ای روشن و یا سیاه و یا سفید می‌باشد. سر حیوان نسبت به جثه بزرگ، بینی خمیده، گوش‌های طویل، نرها و ماده‌ها دارای شاخ، پستان و سرپستانک‌های کاملا رشد یافته و تولید شیر در حدود ۲۱۰ لیتر در مدت ۱۱۵ روز است. دو قلو زایی در این نژاد معمول می باشد (۷).

ایران یکی از مهم‌ترین کشورهای پرورش دهنده بز در دنیا است به‌طوری‌که بیش از ۲۵ میلیون راس بز و قریب به ۱۵ نژاد مختلف با ویژگی‌های منحصر به‌فرد در مناطق مختلف پرورش می‌یابد. طی سالیان اخیر به‌علت مهاجرت و نیاز به منابع پروتئینی، تعدادی از نژادهای بز و گوسفند از کشورهای همسایه مانند پاکستان، افغانستان و چین وارد کشور ایران شده است. بزهای نژاد کاموری از جمله حیواناتی است که طی سالیان اخیر از طریق مرزهای جنوب شرقی و خصوصا استان سیستان و بلوچستان وارد کشورمان شده است. از زمان دقیق ورود آن‌ها اطلاع موثقی در دسترس نمی‌باشد اما باتوجه به خصوصیات لاشه مناسب و تولید بالای شیر و همچنین میزان چندقلوزایی مناسب در سطح بسیاری از استان‌ها خصوصا استان‌های کرمان، فارس، بوشهر، خوزستان و حتی به استان‌های غربی مانند کرمانشاه نیز پخش شده است.

طی بررسی‌های انجام گرفته در گله‌های استان خوزستان، خصوصیات فنوتیپی آن‌ها شامل وزن یک بز بالغ شش ماه حدود ۲۰ کیلوگرم، یک ساله حدود ۴۰ کیلوگرم، دو ساله حدود ۵۰ کیلوگرم و سه ساله حدود ۶۰ کیلوگرم می‌باشد. میانگین قد بزهای یک ساله ۸۵ سانتیمتر می‌باشد. وزن زمان تولد بزغاله حدود ۲/۵ کیلوگرم می‌باشد. از مهم‌ترین خصوصیات این نژاد وزن زنده بالا در مقایسه با نژادهای دیگر، تولید شیر روزانه حدود ۳ لیتر و میزان چندقلوزایی ۱/۹ در هر زایمان می‌باشد. محل پرورش این بزها در استان خوزستان اغلب شهرستان‌های اهواز، دزفول و رامهرمز است که به‌صورت دسته‌های چند تایی تا چند ده راسی پرورش می‌یابند.

ژن FecB یا BMPR1B (Bone Morphogenetic Protein Receptor 1B) که به ALK6 (Activin-Like Kinase 6) نیز معروف است روی کرموزوم ۶ گوسفند قرار دارد و به‌صورت سینتنیک (syntenic) روی کروموزم ۴ انسان واقع شده است. این ژن دارای یک جهش است که باعث افزایش میزان تخمک‌گذاری در حاملین می‌گردد. در این جهش، نوکلئوتید گوانین به‌جای آدنین در جایگاه ۷۴۶ توالی cDNA قرار گرفته است که سبب جایگزینی اسیدآمینه آرژنین به‌جای گلوتامین در جایگاه ۲۴۹ پروتئین بالغ می‌گردد (۸ و ۹). برای بررسی وجود جهش FecB محصولات حاصل از تکثیر جایگاه ژن که ۱۹۰ جفت باز دارد در مجاورت آنزیم محدودگر AvaII قرار می‌گیرد و در صورتی‌که جهش مورد نظر وجود داشته باشد باند ۱۹۰ جفت بازی شکسته و به دو باند ۱۶۰ و ۳۰ جفت بازی تبدیل می‌شود. بدین‌صورت که در افراد هموزیگوس باندهای ۱۶۰ و ۳۰ جفت بازی مشاهده می‌شود درحالی‌که در حاملین هتروزیگوت باندهای

۱۹۰، ۱۶۰ و ۳۰ جفت بازی ولی اگر جهش در گله نباشد فقط باندهای ۱۹۰ جفت بازی مشاهده می‌شود (۸ و ۱۰). تجزیه و تحلیل‌های گسترده فیزیولوژیکی نشان می‌دهد که ژن FecB بر فعالیت غدد هیپوفیز و تخمدان و به‌خصوص در فولیکول‌های تخمدانی اثر می‌گذارد. این ژن فعالیت خود را به‌طور مستقیم یا غیرمستقیم با وادار کردن رشد زودرس فولیکول‌های تخمدانی که در اندازه کوچک آزاد می‌شوند اعمال می‌کند (۱۱).

ژن FecG (GDF9) که دارای وزن ملکولی ۲/۵ کیلو باز است دارای ۲ اگزون و یک اینترون ۱۱۲۶ کیلو بازی است که یک پروپپتید ۴۵۳ اسیدآمینه‌ای را رمزگذاری می‌کند و شکل فعال پپتید دارای ۱۳۵ اسیدآمینه می‌باشد. این ژن در تخمک‌های مرحله اولیه فولیکول‌های در حال رشد تا زمان تخمک‌گذاری بیان می‌گردد. فقدان این ژن سبب اختلال در رشد فولیکول‌ها بعد از مرحله نوع ۲ می‌گردد. ژن GDF9 برروی فعالیت جسم زرد نیز موثر و بنابراین به‌طور غیرمستقیم برروی تداوم آبستنی نیز موثر می‌باشد (۱۲).

خانواده GDF9 دارای ۸ چند شکلی تک نوکلئوتیدی است که به اختصار به G1-G8 معروف هستند. در بین این‌ها تنها جهش G8 که به $FecG^H$ معروف است اثرات مهمی روی میزان چندقلوزایی دارد (۱۲). این جهش سبب افزایش میزان تخمک‌گذاری در ناقلین هتروزیگوت و سبب عقیمی در ناقلین هموزیگوت می‌گردد. در ناقلین $FecG^H$ اسیدآمینه فنیل‌آلانین به‌جای سرین در جایگاه ۷۷ پروتئین بالغ قرار گرفته است. محصولات ۱۳۹ جفت بازی حاصل از تکثیر جایگاه ژن GDF9 به‌دست می‌آید که برای تعیین وجود جهش $FecG^H$، این محصولات در مجاورت آنزیم DdeI قرار می‌گیرند. در صورتی‌که جهش وجود داشته باشد باند ۱۳۹ جفت بازی پس از تیمار برش نمی‌خورد ولی اگر جهش وجود نداشته باشد محصولات PCR برش و به‌صورت دو باند مجزا برروی ژل آگارز مشاهده می‌گردند (۱۲). از هفت جهش باقی‌مانده سه جهش تاثیری روی فرایند تولیدمثل ندارند اما چهار جهش باقی‌مانده شامل G1، G4، G6 و G7 ممکن است اثراتی روی باروری داشته باشند، با این وجود اما هنوز به‌طور دقیق مکانیسم آن‌ها مشخص نگردیده است هرچند این جهش‌ها در بعضی از نژادهای گوسفند پرزا مشاهده شده اند. نکته دیگر اینکه، حاملین هموزیگوت این جهش‌ها نیز نابارور نیستند (۱۱ و ۱۲). جهش $FecG^H$ اولین بار توسط Hanrahan و همکاران (۱۲) و جهش FecB نیز توسط Davis و همکاران (۱۳) شناسایی گردید و از آن زمان به بعد مطالعات گسترده‌ای برای شناسایی این جهش‌های ارزشمند در گوسفندان و بزهای مختلف در سطح بین المللی انجام گرفته است و تاکنون این جهش‌ها در بزهای نژادهای مختلف در سراسر دنیا بررسی شده است.

نظر به اهمیت صفت چندقلوزایی، تولید شیر و گوشت، لزوم بررسی ژن‌های موثر بر چند قلوزایی، در این مطالعه، بررسی وجود جهش‌های FecB و $FecG^H$ در بزهای نژاد کاموری استان خوزستان بررسی گردیده است.

مواد و روش‌ها

از ۴۰ راس بز نژاد کاموری که حداقل یک‌بار سابقه دوقلوزایی داشتند از گله‌های شهرستان‌های اهواز و رامهرمز با استفاده از لوله خلا دار حاوی EDTA، خون‌گیری به‌عمل آمد و پس از جدا کردن بافی کوت، DNA آن‌ها با استفاده از روش محمدی و صابری‌وند (۱۴) استخراج گردید. از DNA استخراج شده نمونه کاری تهیه و در یخچال نگهداری و مابقی DNA در فریزر ۲۰- درجه سانتی‌گراد ذخیره گردید.

براساس جدول شماره ۱، پرایمر اختصاصی برای شناسایی موتاسیون های FecB و $FecG^H$ با استفاده از مطالعات Davis و همکاران (۱۳) و Hanrahan و همکاران (۱۲) توسط شرکت TAG Copenhagen دانمارک تهیه گردید.

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز برای تکثیر قطعه ۱۹۰ و ۱۳۹ جفت بازی جایگاه ژن‌هایFecB و GDF9 با ۳۵ چرخه (۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه برای واسرشت و دمای مناسب براساس جدول ۱، برای اتصال،۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه برای امتداد) در دستگاه ترموسایکلر Xp Cycler (ساخت کشور چین) انجام گردید. این واکنش در حجم ۲۵ میکرولیتر با محتویات ۲/۵ میکرولیتر بافر 10X، ۱/۵ میلی‌مول Mgcl2، ۰/۵ میکرومول از هرکدام از پرایمرها، ۲۰۰ میکرومول dNTP، ۱ واحد آنزیم Taq پلیمراز، ۱۰۰ نانوگرم DNA استخراج شده استفاده گردید. پس از پایان PCR، محصولات به‌دست آمده با استفاده از ژل آگارز ۲ درصد بررسی گردید. پس از تایید انجام PCR و مشاهده باندهای۱۹۰ و ۱۳۹ جفت بازی به‌ترتیب برای ژن‌های FecB و GDF9 محصولات به‌دست آمده برای شناسایی موتاسیون های FecB و $FecG^H$ با آنزیم‌های اختصاصی AvaII و DdeI (Fermentas) به‌مدت یک شب تیمار گردید.

بدین‌منظور مقدار ۱۰ میکرولیتر محصول PCR، ۳ میکرولیتر 10X بافر، ۱ واحد آنزیم برشی و ۱۵ میکرولیتر آب مقطر در حجم نهایی ۳۰ میکرولیتر مخلوط گردید. واکنش به مدت ۱۲ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد انجام شد. پس از پایان هضم، محصولات حاصله با استفاده از ژل آگارز ۳ درصد و رنگ آمیزی اتیدیوم بروماید بررسی شدند.

جدول۱: توالی پرایمرها، دما و مدت زمان اتصال و آنزیم اختصاصی محدودگر ژن‌های FecB و GDF9

جهش	توالی پرایمر ۳-۵	دما و مدت زمان اتصال	اندازه باند (جفت باز)	آنزیم محدودگر
FecB	CAAGATGTTTTCATGCCTCATGAACACGGTC CCAGAGGACAATAGCAAAGCAAA	۶۰°C- ۳۰ ثانیه	۱۹۰	AvaII
FecGH	ATGGATGATGTTCTGCACCATGGTGTGAACCTGACTTTAGTCAG CTGAAGTGGGACAAC	۶۲°C- ۴۰ ثانیه	۱۳۹	DdeI

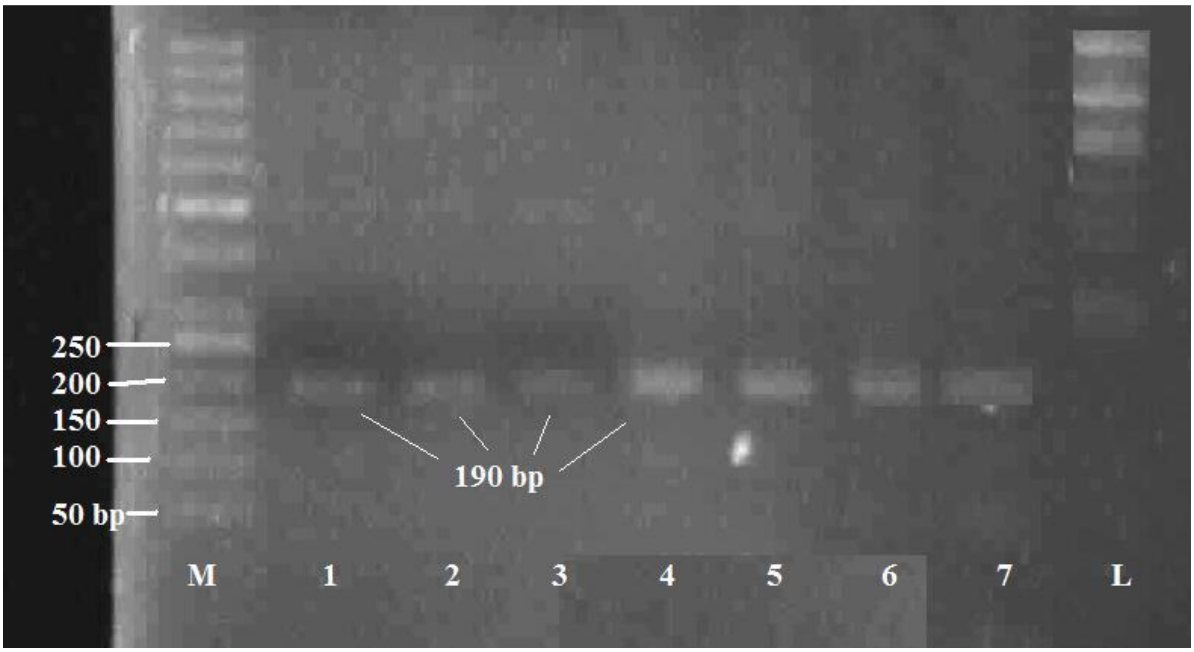
نتایج

نتایج حاصل از آزمایش‌ها نشان داد که جایگاه ژن‌های FecB و GDF9 در تمام بزهای کاموری مورد مطالعه تکثیر یافت و محصولات PCR پس از رانش روی ژل آگارز ۲ درصد به‌ترتیب الگوی باندی ۱۹۰ و ۱۳۹ جفت بازی را نشان دادند.

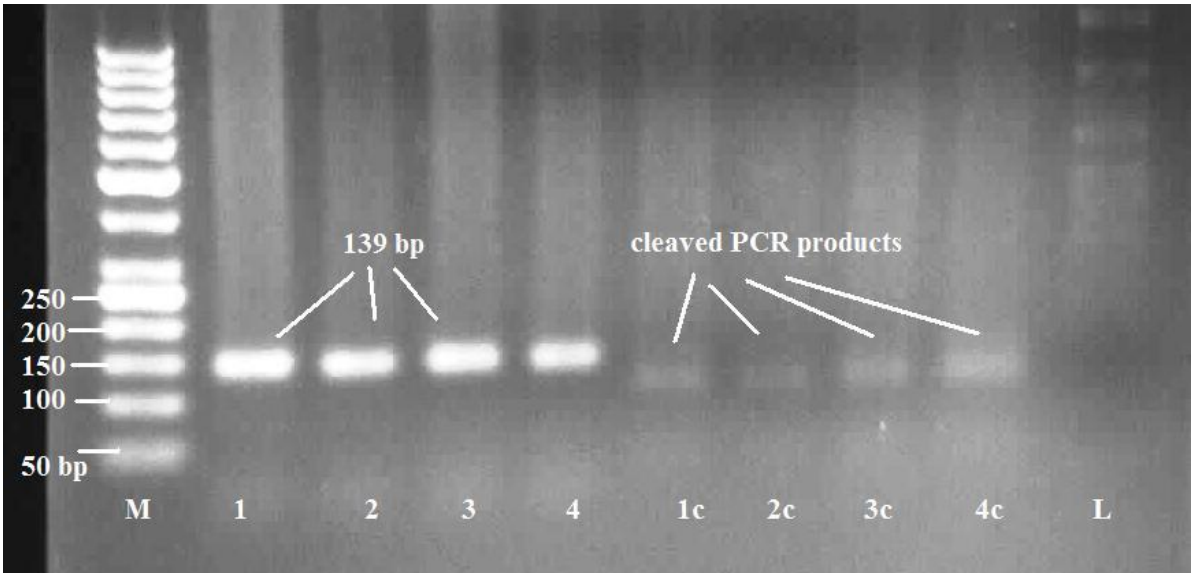
برای یافتن جهش‌های FecB و محصولات PCR به‌دست آمده در مجاورت آنزیم محدودالاثر AvaII قرار گرفتند. محصولات PCR ژن FecB پس از مجاورت با آنزیم اختصاصی بدون هیچ برشی باقی ماندند و تنها باندهای ۱۹۰ جفت بازی بدون تغییر مشاهده شدند، ولی DNA لامبدا که در مجاورت آنزیم قرار گرفته برش خورد و به‌صورت قطعات مجزایی مشاهده گردید (شکل ۱).

برای مشخص شدن وجود جهش $FecG^H$ محصولات به‌دست آمده در مجاورت آنزیم DdeI قرار گرفتند و تمامی محصولات PCR ژن GDF9 در مجاورت آنزیم برش خوردند. در این آزمایش DNA لامبدا نیز در مجاورت آنزیم برش خوردند (شکل ۲). بنابراین بر اساس مطالعه Davis و همکاران (۱۴) و Hanrahan و همکاران (۱۲)، جهش‌های FecB و $FecG^H$ در بزهای مورد مطالعه وجود نداشت.

این مطالعه نشان می‌دهد که جهش های FecB و $FecG^H$ در جمعیت بزهای کاموری موردهای مطالعه وجود ندارد و تنها ژنوتیپ نوع وحشی است که با محیط، سازگاری کامل یافته است (جداول ۲ و ۳).



شکل ۱ : وضعیت جهش FecB در بزهای نژاد کاموری بر روی ژل آگارز ۲ درصد: ستون M مارکر ۵۰ جفت‌بازی، ستون‌های ۱ تا ۷ باندهای برش نخورده و ستون L، DNA لامبدا که به‌وسیله آنزیم AvaII برش خورده است.



شکل ۲: وضعیت جهش $FecG^H$ بر روی ژل آگارز ۲ درصد: ستون M مارکر ۵۰ جفت‌بازی، ستون‌های ۱ تا ۴ محصولات PCR قبل از هضم آنزیمی. باندهای 1c-4c محصولات PCR برش خورده به‌وسیله آنزیم DdeI در بزهای نژاد کاموری و ستون L، DNA لامبدا که به‌وسیله آنزیم برش خورده است.

جدول ۲: فراوانی ژنوتیپی و آللی ژن FecB در بزهای کاموری

نژاد	تعداد/راس	ژنوتیپ			فراوانی ژنوتیپ
		BB	B+	++	
بز کاموری	۴۰	-	-	+	۱۰۰

جدول ۳: فراوانی ژنوتیپی و آللی ژن GDF9 در بزهای کاموری

نژاد	تعداد/راس	ژنوتیپ			فراوانی ژنوتیپ
		++	H+	HH	
بز کاموری	۴۰	+	-	-	۱۰۰

بحث

در نشخوارکنندگان کوچک به‌خصوص در گوسفندان، تاثیر ژنتیک برروی تعداد جنین‌ها به‌خوبی بررسی شده است. در گوسفندان، از مهم‌ترین ژن‌های موثر بر چندقلوزایی می‌توان به BMP15، GDF9 و BMPRIB اشاره کرد. BMPRIB بر روی کروموزوم ۶ قرار دارد و دارای یک جهش به‌نام FecB می باشد که سبب افزایش میزان تخمک‌گذاری می‌گردد. افزایش میزان تخمک‌گذاری و تعداد جنین در این جهش با تعداد کپی‌های جهش ارتباط دارد. این جهش اولین بار در گوسفندان چندقلوزای بورولا مشاهده گردید. مکانیسم اثر این جهش به این‌صورت است که سبب افزایش حساسیت سلول‌های گرانولوزا به (FSH) می‌گردد که سبب تسریع رشد فولیکول‌ها و تخمک‌گذاری فولیکول‌ها در اندازه کوچک‌تر می‌شود. در جهش‌های GDF9 و BMP15 میزان تخمک‌گذاری در حاملین هتروزیگوت بالاتر از گوسفندان فاقد جهش می‌باشد، اما حاملین هموزیگوت برای این جهش‌ها، نابارور می‌باشند. GDF9 دارای ۸ جهش است و بر روی کرموزوم ۵ قرار دارد. یکی از مهم‌ترین جهش‌های این ژن، $FecG^H$ نام دارد که سبب افزایش میزان چندقلوزایی در حاملین هموزیگوت و ناباروری در حاملین هتروزیگوت می‌گردد (۱۱، ۱۲ و ۱۳).

تعداد بزهای پرورشی در کشورمان حدود ۲۵ میلیون راس می‌باشد. بزهای کاموری از نژادهای وارداتی است که طی سالیان اخیر وارد کشور شده است و هنوز وضعیت تولیدمثلی آن‌ها و میزان تلاقی آن با دیگر نژادهای ایرانی مشخص نمی‌باشد. بزهای

نژاد کاموری چون وزن لاشه مناسبی دارند (بالغ ۰۴ کیلوگرم)، تولید شیر بیشتری نسبت به دیگر نژادهای ایرانی دارند و میزان چندقلوزایی در آن‌ها زیاد است (۱/۹ در هر زایمان) و بنابراین مورد توجه دامداران واقع شده است. به‌همین علت در این مطالعه به بررسی وجود جهش‌های BceF و $GceF^H$ در این نژاد پرداخته شده است.

مطالعه الگوی باندی مشاهده شده در الکتروفورز پس از هضم آنزیمی، وجود موتاسیون های FecB و $FecG^H$ را در بزهای کاموری استان خوزستان نشان نداد به‌طوری که پس از تیمار محصولات PCR با آنزیم برشی، تنها باندهای ۱۹۰ جفت بازی بدون هیچ برشی برای ژن FecB مشاهده گردید اما همه محصولات ۱۳۹ جفت بازی ژن GDF9 در مجاورت آنزیم اختصاصی برش خوردند.

مطالعات انجام گرفته در نژادهای مختلف بز نشان می‌دهد که فقط جهش FecB در نژاد چندقلوزای بنگال سیاه مشاهده شده است، اما جهش $FecG^H$ در این نژاد مشاهده نشده است (۹). مطالعات انجام گرفته نشان می‌دهد که جهش FecB در نژادهای بز چینی مثل بوئر (Boer)، هایمن (Haimen)، هونقایی (Huanghuai)، نوبی (Nubi)، متیو (Matou)، جنینگ خاکستری (Grey Jining) (۱۰) و یونلینگ سیاه (Black Yunling) وجود ندارد (۱۵). مطالعات انجام گرفته برروی بزهای ایرانی نیز نشان می‌دهد که جهش FecB در بزهای نجدی و بومی استان خوزستان مشاهده نشده است (۱۶).

با این‌حال تاکنون وجود جهش‌های FecB و $FecG^H$ در هیچ‌کدام از نژادهای گوسفند و بز ایرانی گزارش نگردیده است. مطالعات انجام گرفته نشان می‌دهد که جهش ژن‌های FecB و $FecG^H$ فقط عامل چندقلوزایی در بز و گوسفندان نمی‌باشد بلکه جهش‌های دیگری نیز وجود دارد که از عوامل مهم چندقلوزایی هستند (۸، ۱۷ و ۱۸).

مطالعه حاضر نشان می‌دهد که جهش‌های FecB و $FecG^H$ در بزهای کاموری استان خوزستان وجود ندارد، بنابراین این جهش‌ها نمی‌توانند از عوامل موثر بر چندقلوزایی در این نژادها باشد. در نتیجه با توجه به اهمیت بزهای نژاد کاموری برای دامداران استان‌های مختلفی که این نژاد ورود پیدا کرده است، انجام مطالعات ژنتیکی بیشتری برای بررسی وضعیت ژنتیکی و بهبود اصلاح نژادی آن‌ها ضرورت دارد (۸۱ و ۹۱).

فراوانی‌های ژنوتیپ وحشی (++) برای هر دو جایگاه (FecB و FecG) ۱۰۰ ولی برای ژنوتیپ جهش‌ها چه در حالت هموزیگوت و چه در حالت هتروزیگوت صفر می‌باشد، بنابراین چون جهش‌های مورد مطالعه در بزهای کاموری مشاهده نمی‌شود در نتیجه ارتباطی بین میزان چندقلو زایی و جهش‌های مورد مطالعه وجود ندارد.

نتیجه گیری

نتایج حاصل از این مطالعه نشان میدهد که موتاسیونهای FecB و $FecG^H$ در بزهای کاموری استان خوزستان وجود ندارد بنابراین این موتاسیونها نمیتوانند عامل چندقلوزایی در این نژاد باشند.

تشکر و قدردانی

این مطالعه از محل اعتبارات اختصاص یافته از طریق معاونت محترم پژوهشی دانشگاه شهید چمران اهواز انجام گرفته است که بدین‌وسیله مراتب تشکر خود را اعلام می‌دارد.

منابع

1. Juengel JL, Bodensteiner KJ, Heath DA, Hudsun Nl. Physiology of GDF9 and BMP15 signalling molecules. Animal Reproduction Science. 2004; 82-83: 447-460.

2. Montgomery GW, Galloway SM, Davis GH, McNatty KP. Genes controlling ovulation rate in sheep. Reproduction. 2001; 121: 843–852.

3. Souza CJ, MacDougall C, MacDougall C, Campbell BK, et al. The Booroola (FecB) phenotype is associated with a mutation in the bone morphogenetic receptor type 1 B (BMPR1B) gene. Journal of Endocrinology. 2001; 169(2): R1–R6.

4. Abdel Aziz M. Present status of the world goat populations and their productivity. Lohmann Information. 2010; 45(2): 42-52.

5. Haenlein, GFW. Goat milk in human nutrition. Small Ruminant Research. 2004; 51: 155-163.

6. Iqbal E, Bakht B, Khan MT, Mirza MA. Goat-A potential dairy animal: present and future prospects; Pakistan Journal of Agriculture Science. 2008; 45(2): 227-230.

7. Baidar Khan B, Iqbal A, Mustafa MI. Sheep and goat production.b Department of Livestock Management University of Agriculture Faisalabad. 2003; 18-28.

8. Davis GH, Balakrishnan L, Ross IK, Wilson T, et al. Investigation of the Booroola (FecB) and Inverdale (FecXI) mutations in 21 prolific breeds and strains of sheep sampled in 13 countries. Animal Reproduction Science. 2006; 92: 87–96.

9. Polley S, Dea S, Batabyal S, Kaushik V, et al. Polymorphism of fecundity genes (BMPR1B, BMP15 and GDF9) in the Indian prolific Black Bengal goat. Small Ruminant Research. 2009; 85: 122–129.

10. Hua GH, Chena SL, Ai JT, Yang LG. None of polymorphism of ovine fecundity major genes FecB and FecX was tested in goat. Animal Reproduction science. 2008; 108: 279-286.

11. McNatty KP, Galloway SM, Wilson T, Smith P, et al. Physiological effects of major genes affecting ovulation rate in sheep. Genetics Selection Evolution. 2005; 37(1): S25–S38.

12. Hanrahan JP, Gregan SM, Mulsant P, Mullen M, et al. Mutations in the genes for oocyte-derived growth factors GDF9 and BMP15 are associated with both increased ovulation rate and sterility in Cambridge and Belclare sheep (Ovis aries). Biology of reproduction. 2004; 70: 900–909.

13. Davis GH, Galloway SM, Ross IK, Gregan SM, et al. DNA Tests in Prolific Sheep from Eight Countries Provide New Evidence on Origin of the Booroola (FecB) Mutation. Biology of Reproduction. 2002; 66(6): 1869-74.

14. Mohammadi G, Saberivand A. [Modified Method to Extract DNA from Mammalian Whole Blood for mathods based PCR]. Iran Veterinary Journal. 2012; 8(2): 93-100. Persian

15. Cui HX, Zhao SM, Cheng ML, Guo L, et al. Cloning and expression levels of genes relating to the ovulation rate of the Yunling black goat. Biology of Reproduction. 2009; 80 (2): 219–226.

16. Mohammadi G, Alimahmoudi M. [Determination of Polymorphism of FecB gene in Najdi and native goats of Khouzestnian province by PCR-RFLP]. Iranian Veterinary and Laboratory Journal. 2009; 3(1): 13-20. Persian

17. Guan F, Liu SR, Shi GQ, Yang LG. Polymorphism of FecB gene in nine sheep breeds or strains and its effects on litter size, lamb growth and development. Animal Reproduction Science. 2007; 99: 44-52.

18. Hua GH, Yang LG. A review of research progress of FecB gene in Chinese breeds of sheep. Animal Reproduction Science. 2009; 116(1-2): 1-9.

19. Gootwine E, Reicher S, Rozov A. Prolificacy and lamb survival at birth in Awassi and Assaf sheep carrying the FecB (Booroola) mutation. Animal Reproduction Science. 2008; 108(3-4): 402–411.

Journal of Cell & Tissue (JCT)
Autumn 2013; 4(3): 323-329

Original Article

Evaluation of FecB and FecG^{H} mutations in Kamuri goats of Khouzestan Province

Afzazadeh MR. M.Sc[1], Mohammadi G. Ph.D[2], Galehdari H. Ph.D[3], Ganjali H. MSc[1]

1. Graduated Student, Clinical Science Group, Veterinary Faculty, Shahid Chamran University, Ahvaz, Iran.
2. Assistant professor, Clinical Science Group, Veterinary Faculty, Shahid Chamran University, Ahvaz, Iran.
3. Associate professor, Genetics Group, Science Faculty, Shahid Chamran University, Ahvaz, Iran.

* Email corresponding author: ghmohammadi9@yahoo.com

Received: 13 Feb. 2013 Accepted: 14 May. 2013

Abstract

Aim: The aim of the present study was determination of FecB and FecG^{H} gene mutations in Kamouri goats of Khouzestan Province.

Material and Methods: For this study 40 blood samples were collected of prolific kamouri goats. DNA of blood samples was extracted by modified salting out method and the site of the FecB and GDF9 genes were amplified using specific primers.

Results: After amplification of the site of genes, the products of 190 bp and 139 bp were determined by agarose gel electrophoresis. The PCR products were digested with AvaII and DdeI enzymes. Results show no mutations in the FecB and FecG^{H} genes in the Khouzestan kamouri goats.

Conclusion: In this study the mutations of FecB and FecG^{H} are not observed in Khouzestan kamouri goats and all of the goats were wild type. Therefore these mutations are not the general cause of the prolificacy in the Khouzestan Kamouri goats and further investigations are required to evaluating the fecundity genes and the genotyping of Khouzestan Kamuori goats.

Keyword: Kamuori goat, FecB, FecG^{H}, GDF9