



مدلسازی برای پیش بینی صفات تولید شیر و چربی با استفاده از چند شکلی ژن DGAT1 در جمعیت گاو های هلشتاین ایران

حامد خراتی کوپایی^۱، علیرضا ترنگ^{۲*}، علی اسماعیلی زاده کشکوئی^۱ و محمد رضا محمد آبادی^۱

۱ - دانش آموخته دوره کارشناسی ارشد و دانشیاران بخش علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه شهید باهنر کرمان

۲ - استادیار بخش تحقیقات ژنومیکس، مدیریت منطقه شمال کشور (رشت)، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی

*نویسنده مسئول : a_tarang@hotmail.com

چکیده:

ژن DGAT1 به عنوان یک ژن بزرگ اثر در انتهای سانترومری کروموزوم شماره ۱۴ برای درصد چربی و تولید شیر مطرح می باشد. این ژن با کد کردن آنزیم دی آسیل گلیسرول اسیل ترانسفراز نقش اصلی را در سنتز تری گلیسرید و در نهایت چربی شیر دارد. در این پژوهش ۳۹۸ نمونه خون از گاوهای هلشتاین استانهای تهران و اصفهان جمع آوری گردید، سپس با انجام واکنش PCR یک قطعه ۴۱۱ جفت بازی از آگزون شماره ۸ این ژن تکثیر گردید. تعیین ژنوتیپ جمعیت با استفاده از تکنیک PCR-RFLP انجام شد. بر اساس نحوه برش آنزیم CfrI سه نوع ژنوتیپ AA، KA، KK تشخیص داده شد. سپس با استفاده از اثرات مدل اثرات ثابت صفاتی که اثر ژن DGAT1 برای آنها معنی دار بود تعیین گردیدند و در نهایت با استفاده از امتیاز بندی اثرات مدل و رگرسیون، مدل های پیش بینی ارائه شدند. از ضریب همبستگی بین رکورد های واقعی و پیش بینی شده به عنوان اعتبار سنجی مدل های ارائه شده استفاده گردید. نتایج این پژوهش نشان داد که مدل های پیش بینی برای صفات تولید شیر ۳۰۵ روز، ارزش اصلاحی درصد چربی و درصد چربی بر اساس دو بار دوشش در روز به شکل قابل قبولی قادر به پیش بینی صفات مطرح شده می باشند. واژگان کلیدی: DGAT1- رگرسیون-مدلسازی- همبستگی.

مقدمه:

در پروژه های نقشه یابی، QTL هایی برای درصد چربی و تولید شیر روی کروموزوم ۱۴، به ویژه در جمعیت های هلشتاین شناسایی شده است (۴). جهش تک نوکلئوتیدی (SNP) که منتج به جایگزینی غیر محافظت شده لیزین به وسیله آلانین (K232A) می شود اثر قابل توجهی را روی تولید شیر و ترکیبات آن ایجاد می کند. آلل DGAT1 (آلل جهش نیافته) نسبت به آلل DGAT1 (جهش یافته) حدود ۰/۳۴ درصد چربی، ۰/۰۸ درصد پروتئین و ۴۶/۱۰ کیلوگرم چربی بیشتری تولید می کند، در حالیکه تولید شیر و پروتئین به ترتیب ۳۱۶ و ۵/۶۴ کیلوگرم کاهش می یابد (۴). اخیرا کشور های زیادی با به اشتراک گذاشتن اطلاعات ژنومیکی ژنوتیپ هزاران SNP وارد سیستم ارزیابی ژنتیکی شده اند (۹). این موضوع بیانگر این مطلب است که اطلاعات ژنومیکی هم اکنون به عنوان یکی از مهم ترین منابع اطلاعات برای ارزیابی ژنتیکی در گله های گاو شیری مطرح می باشد (۶). تا کنون پژوهش های گسترده ایی با استفاده از مدل سازی برای پیش بینی اثر ژن های بزرگ اثر و رکورد های صفات اقتصادی صورت گرفته است. برای نمونه در پژوهشی که روی گله های شیری هلشتاین کشور لهستان انجام گرفت از اطلاعات رکورد ۱۲۲۷ فرد و تعداد ۵۰ ژنوتیپ SNP، برای ۲۹ صفت مهم اقتصادی مدل ارزیابی ژنومیکی ارائه شد. در این پژوهش با استفاده از ضریب همبستگی، اعتبار سنجی برای ارزش های اصلاحی برآورد شده مورد آزمون قرار گرفت. نتایج نشان دادند که ضریب همبستگی برای کیلوگرم تولید شیر، پروتئین و چربی به ترتیب برابر با ۰/۳۷، ۰/۳۲ و ۰/۳۲ می باشد (۸).

مواد و روش ها