آنالیز ژنتیکی جایگاه ژنی پروتئین Mx در مرغ های تجاری گوشتی و تخم گذار

صدیقه ملک شاهدهی*[1]، سید حسن حافظیان[1]، قدرت رحیمی میانجی[1]، زربخت انصاری پیرسرائی[1]، بهنام کامجو[1]، نورالدین مرادی[1] و کسری احمدیان[1]

۱-آزمایشگاه ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی دام، گروه علوم دامی، دانشکده علوم دام و آبزیان، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

صدیقه ملک شاهدهی، s.malekshahdehi@gmail.com

چکیده

تایید شده است که یک جابه جایی آمینواسیدی در انتهای کربوکسیلی جایگاه پروتئین Mx، عامل تعیین کننده در فعالیت آنتی ویروسی در طیور می باشد. جایگزینی آمینواسید سرین(آلل A) با آمینواسید آسپاراژین (آلل G) در جایگاه ٦٣١ پروتئین Mx، فعالیت آنتی ویروسی متفاوتی را نشان می دهد. آلل (A)و آلل (G) به ترتیب موجب فعالیت آنتی ویروسی مثبت و منفی در جوجه ها می شود. در این مطالعه، به منظور شناسایی چند شکلی آللی و برآورد فراوانی ژنوتیپ هادر این جایگاه ژنی،۱۰۰ قطعه مرغ به طور تصادفی از یکی از گله های مرغ گوشتی و تخم گذار (به ازای هر جمعیت ۵۰ قطعه) انتخاب و استخراج دی ان ایبه روش نمکی بهینه یافته انجام گرفت. با استفاده از یک جفت پرایمراختصاصی قطعهای به طول ۲۹۹ جفت باز از اگزون ۱۳ ژن Mx تکثیر و برای شناسایی SNP از روش PCR-RFLP و آنزیم Hpy8I استفاده شد. فراوانی آلل مقاوم A در مرغ تخمگذار (۰/۸٦) و در مرغ گوشتی (۰/٤٦) و فراوانی آلل مستعد G در مرغ گوشتی (۰/٥٤) و در مرغ تخم گذار (۰/١٤) برآورد شد.در جمعیت مرغ گوشتی سه ژنوتیپ AA، AG و GG به ترتیب با فراوانی هر یک۰/۳۲، ۰/۲۸ و ۰/٤۰ و در جمعیت مرغ تخم گذار نیز دو ژنوتیپ AA وAG به ترتیب با فراوانی هر یک۰/۷۲ و ۰/۲۸ برآورد شد. مقایسه فراوانی آللی و ژنوتیپی بین دو لاین به ترتیب با استفاده از آزمون فیشر و کای اسکور نشان داد که فراوانی آللی و ژنوتیپی مشاهده شده بین دو لاین از نظر آماری معنی دار است.

واژگان کلیدی: مرغ گوشتی، مرغ تخم گذار، ژن Mx، PCR-RFLP

مقدمه

تنوع و تفاوت هایی که به واسطه اختلاف در یک جایگاه نوکلئوتیدی (به علت جایگزینی، حذف یا اضافه) رخ می دهند، به عنوان تفاوت تک نوکلئوتیدی (SNP) شناخته می شوند. وجود یک SNP درجایگاه نوکلئوتیدی۲۰۳۲(جا به جایی آدنین به گوانین) در لوکوس Mx باعث تغییر نوکلئوتید A به G و تغییر اسید آمینه سرین به آسپاراژین در جایگاه ٦٣١ پروتئین Mx می شود. در ژن Mx طیور، نوع آمینواسید موجود در جایگاه ٦٣١ می تواند تعیین کننده فعالیت آنتی ویروسی نسبت به ویروس های آنفولانزا و VSV باشد (Ko و همکاران، ۲۰۰۲). پروتئین های Mx که درجایگاه ٦٣١ خود دارای اسیدآمینه آسپاراژین می باشند فعالیت آنتی ویروسی بیشتری را نسبت به اسیدآمینه سرین نشان می دهند. پروتئین Mx مرغ از نوع سیتوپلاسمی و با جرم مولکولی حدود ۷۰۰۰۰ تا ۸۰۰۰۰ دالتون که دارای میل ترکیب پذیری پائینی با GTP دارند (Staeheli و همکاران، ۱۹۹۳). ژن Mx روی کروموزوم شماره ۱ قرار دارد و شامل ١٤ اگزون می باشد. یک اگزون شامل ناحیه 5′-UTR می باشد و پروتئین ها توسط ۱۳ اگزون کد می شوند (Sironi و همکاران، ۲۰۰۸). طبق مطالعات قبلی پروتئین های Mx دارای ۷۰۵ آمینواسید می باشد (Ko و Jin، ۲۰۰۲). اینترفرون ها پروتئین های کد شده به وسیله ی میزبان هستند که روند همانند سازی ویروس ها را مهار کرده و