



میلیون سال پیش بر می‌گردد [5, 16, 17, 4]. مهاجرت به آمریکای جنوبی و آسیا تقریباً سه میلیون سال پیش [18, 4] رخ داده است و هر دو طایفه کامیلنی و لامینی متعاقب این مهاجرت در آمریکای شمالی منقرض گردیده است. کاربوتیپ تمام شش گونه موجود شتر سانان ($2n = 74$) شبیه هم می‌باشند. امروزه از شتر سانان جهان قدیم دو گونه در جهان وجود دارد که هر دو گونه اهلی می‌باشند. شترهای تک کوهانه^۳ و شترهای دو کوهانه^۴ جز این دسته از شترها به حساب می‌آیند. زیستگاه شترهای تک کوهانه بیشتر مناطق گرمسیر و برای شترهای دو کوهانه مناطق سردسیر گزارش شده است. مناطقی نیز وجود دارد که شترهای تک کوهانه و دو کوهانه دارای محیط زیست مشترک هستند. شتر تولیدات و خدمات فراوانی که مهمترین آنها شامل گوشت، شیر، پشم، حمل و نقل می‌باشد. کاربرد اصلی شتر در قدیم استفاده از آن به عنوان وسیله حمل و نقل بود که امروزه شتر با هدف تولید گوشت پرورش داده می‌شود. در سال‌های اخیر استفاده از شتر در اکوتوریسم در جهان افزایش یافته است. بیش از ۲۰ درصد مساحت کشور را بیابان‌ها تشکیل می‌دهند، بیابان‌های ایران در ۱۷ استان و ۹۷ شهرستان گسترده شده و بسیاری از شهرهای بزرگ کشور را شامل می‌شوند. شتر به خاطر وضعیت پا و همچنین رفتار چریدن و استفاده از گیاهان کم ارزش باعث از بین رفتن مراتع ضعیف نمی‌شود و همچنین توان بالایی در استفاده بهینه از مراتع بیابانی را دارد. شتر دارای ویژگی‌های منحصر به فردی از نظر فیزیولوژی، مورفولوژی و اکولوژی است که این حیوان را قادر می‌سازد، در شرایط سخت محیطی نظیر گرما، سرما، گرد و خاک و کمبود مواد غذایی سازگاری بسیار بالایی نسبت به سایر حیوانات مزرعه‌ی دارا - باشد. به طوری که می‌توان آن را در بیشتر نقاط گرمسیر و سردسیر جهان که نگهداری سایر دام‌های اهلی صرفه اقتصادی ندارد مورد استفاده قرار داد. از سال‌ها پیش پرورش شتر مهم‌ترین شغل کویرنشینان به حساب می‌آید، با احیای آن می‌توان علاوه بر تامین گوشت و شیر این قشر محروم، ایجاد کار و اشتغال‌زایی نیز کرد. برای بهبود صفات اقتصادی

مطالعه اثر چندشکلی‌های ژن استیل کوآ کربوکسیلاز آلفا بر صفات بیومتری در جمعیت شتر یزد، به روش PCR-SSCP

مهدی ایمانی^{۱*}، محمد مرادی شهر بابک^۲ و حسین مرادی شهر بابک^۳

۱- دانشجوی دکتری دانشگاه تهران

۲-۳- استاد و استادیار دانشگاه تهران

چکیده

استیل کوآ کربوکسیلاز آلفا، یک آنزیم کلیدی در تنظیم سنتز اسیدهای چرب در بافت‌های حیوانی می‌باشد که به طور غالبی در بافت کبد و چربی بیان می‌شود. هدف از این مطالعه، بررسی چندشکلی اگزون ۱ ژن ACACA در یزدی و ارتباط آن با صفات فنوتیپی بود. بدین منظور نمونه گیری خون و داده‌های فنوتیپی از ۷۴ نفر شتر یزدی (شهرهای بافق و طیس) انجام شد. در این مطالعه از ۱۲ صفت شامل وزن، طول و ارتفاع بدن، دور سینه و شکم، طول و دور گردن، طول و دور صورت و همچنین بیومتری ابعاد کوهان به عنوان صفات فنوتیپی استفاده گردید. استخراج DNA ژنوم به روش بهینه یافته نمکی انجام و پس از تکثیر قطعه ۳۹۰ جفت بازی که اگزون اول ژن ACACA را دربر می‌گرفت، تعیین ژنوتیپ محصولات PCR با روش SSCP و سپس توالی یابی انجام شد. نتایج آنالیز SSCP پنج الگو را نشان داد بیومتری‌های کوهان قوس در عرض بدن، قوس در طول بدن، دور گردن و دور صورت به طور معنی‌داری تحت تاثیر ژنوتیپ جهش‌های یافت شده قرار داشتند.

مقدمه

خانواده شتر سانان ۴۵-۴۰ میلیون سال پیش در آمریکای شمالی می‌زیسته‌اند و در حال حاضر به دو گروه جهان قدیم (طایفه کامیلینی) و چهار گروه جهان جدید (طایفه لامینی) تقسیم می‌شوند جدا شدن دو طایفه به ۱۱

*Camelus Dromedarius

‡ Camelus Bactrianus

‡Tribe Camelini

‡ Tribe Lamini



دهند. می‌توان از نشانگرهای مرتبط با QTL در انتخاب استفاده کرد و این اطلاعات باعث افزایش معیار صحت انتخاب و به دنبال آن افزایش پاسخ به انتخاب می‌شوند. انتخاب به کمک نشانگرهای ژنتیکی یا MAS که ترکیبی از اطلاعات پلی‌مورفیسم ژنتیکی و اطلاعات فنوتیپی صفت مورد نظر است، می‌تواند باعث افزایش صحت انتخاب و سرعت پیشرفت ژنتیکی گردد. زمانی که صفت مورد نظر با آلل‌های متفاوتی کنترل می‌شود، می‌توان از اطلاعات آللی در انتخاب ژنتیکی حیوانات بهره برد. راندمان استفاده از نشانگر ژنتیکی بستگی به این دارد که آیا تغییرات ساختاری یا پلی‌مورفیسم‌های ژنتیکی ایجاد شده، عملگر است و یا این که با QTL مؤثر بر صفت مورد مطالعه پیوسته است. ولی از آنجایی که این نشانگرهای ژنتیکی در هر جایی از ژنوم می‌توانند واقع شوند، پیدا کردن نشانگرهای عملکردی بسیار دشوار است. برای دور ماندن از مشکلات می‌توان روی نقاطی که اصطلاحاً ژن کاندیدا نامیده می‌شوند، متمرکز شد. ژن‌های کاندیدا، ژن‌هایی هستند که نقش آن‌ها در عملکرد صفت مورد نظر به اثبات رسیده است. این ژن‌ها ممکن است ژن ساختمانی و یا ژن‌های تنظیمی و یا ژن‌های مؤثر بر مسیرهای بیوشیمیایی بروز صفت مربوطه باشند. به این ژن‌ها، ژن‌های کاندیدای عملکردی^۴ اطلاق می‌شود [2, 11]. استفاده از اطلاعات ژن‌های مؤثر بر صفات کمی یا QTL از دو طریق بر پیشرفت ژنتیکی اثر مستقیم دارد: یکی افزایش صحت انتخاب به دلیل فراهم نمودن اطلاعات بیشتر در برآورد ارزش‌های اصلاحی و دیگری استفاده از این ژن‌ها در تعیین و تشخیص حیوانات برتر در مراحل اولیه زندگی (جنین یا نوزاد) و در نتیجه کاهش فاصله نسل. روش ژن کاندیدا^۵ در روش‌های پویب^۶ ژنومی برای ثبت ژنوتیپی جمعیت حاصله از تلاقی، وقت و زمان زیادی صرف می‌شود. پس از انتخاب ژن کاندیدا، تنوع و پلی‌مورفیسم نواحی کد کننده، غیرکد کننده و یا پروموتور ژن، به وسیله توالی‌یابی مستقیم تعیین می‌شود و سپس آنالیزهای آماری از قبیل آنالیز واریانس و روش‌های رگرسیونی برای ارزیابی اثرات این ژن‌ها روی تنوع صفات کمی در جمعیتی انجام می‌شوند که

در دام‌هایی مانند شتر که فاصله نسلی زیاد دارند و اطلاعات کمی و فنوتیپی مناسبی ندارند یکی از سریع‌ترین راه‌های ایجاد پیشرفت ژنتیکی انجام ارزیابی ژنتیکی و شناسای ژن-های کنترل کننده این صفات می‌باشد. برای شناسای جایگاه‌های کنترل کننده صفات کمی (QTL) که شامل اکثر صفات اقتصادی در دام می‌باشند، دو رویکرد ارزیابی بزرگ (بر مبنای کل ژنوم) و کوچک (بر مبنای ژن‌های عمده اثر یا کاندید) وجود دارد [8, 16]. از صفات اقتصادی مهم در شتر می‌توان صفات وزن، لاشه، چربی، کیفیت گوشت را ذکر کرد که هر کدام از صفات ذکر شده خود دارای زیر کلاس می‌باشند. با توجه به اینکه تعداد زیادی ژن‌هایی کاندید در دام‌های دیگر شناسایی شده است و مشخص شده که این ژن‌ها بر روی صفات اقتصادی تاثیر معنی‌داری می‌گذارند بر آن شدیم که یک ژن که تاثیر عمده در متابولیسم چربی و عملکرد کلی بدن دام دارد به نام ACACA را در این حیوان مورد بررسی قرار دهیم [1, 15, 17]. لذا هدف این تحقیق تعیین توالی و پیدا کردن چند شکلی در اگزون ۱ ژن ACACA و ارتباط چندشکلی‌ها با صفات مورد بررسی بود. در دهه‌های اخیر، پیشرفت‌های قابل توجهی در روش‌های آماری و ژنتیک مولکولی جهت شناسایی ژن‌ها یا نواحی ژنومی مؤثر بر صفات مهم اقتصادی حاصل شده است. ایده-ای که در ورای انتخاب به کمک نشانگر قرار دارد این است که اکثر صفات دارای اهمیت اقتصادی (مانند اکثر صفات تولیدی) صفاتی کمی هستند که به احتمال زیاد توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌گردند ولی برخی از آن‌ها اثری بزرگتر از بقیه دارند. به مجموعه ژن‌های کنترل کننده یک صفت کمی QTL و به ژن‌هایی که در این میان اثری بزرگتر دارند ژن‌های عمده گفته می‌شود. در عمل به ندرت ژنوتیپ مربوط به QTL واقعی را می‌دانیم (موقعیت دقیق ژن اغلب ناشناخته است). پیشرفت‌های ژنتیک مولکولی باعث شناسایی تعداد زیادی از نشانگرهای ژنتیکی شده است. این نشانگرها به ما توانایی بررسی نواحی ژنومی نزدیک نشانگر را داده و در نهایت به ما امکان شناسایی نشانگرهای مرتبط با QTL مؤثر بر واریانس صفات کمی مهم اقتصادی را می-

^۴Functional Candidate Gene

^۵Candidate Gene

^۵Quantitative Trait Locus



توانند بر صفت مورد مطالعه تأثیر گذار باشند. به عبارتی اگر چنین ژن‌هایی روی کروموزوم مشابه و نزدیک ژن کاندیدای مورد مطالعه قرار داشته باشند، دقیقاً مشخص نخواهد شد که اثر معنی‌داری ژن کاندیدا روی یک صفت، به دلیل تنوع افراد در این ژن و یا به دلیل نقش ژن‌های مجاور است.

توالی نوکلئوتیدهای ژنوم اعضای مختلف یک گونه با هم یکسان نیست. جایگزینی نوکلئوتیدها در ژنوم انسان به میزان یک نوکلئوتید به ازای چند صد باز تخمین زده می‌شود. تغییرات توالی نوکلئوتیدی حاصل از جایگزینی تک باز را می‌توان از طریق بررسی حرکت DNA تک رشته‌ای مشخص کرد، که این روش بررسی چند شکلی‌های فضایی تک رشته (SSCP) نامیده می‌شود. ترکیب PCR همراه با بررسی تغییرات ساختاری تک رشته‌ای (PCR-SSCP) دو مرحله اصلی دارد. در مرحله اول توالی مورد نظر DNA بوسیله PCR تکثیر شده و در مرحله دوم DNA تکثیر شده بوسیله حرارت به DNA تک رشته‌ای تبدیل شده و بوسیله الکتروفورز بر روی ژل پلی‌اکریل آمید جداسازی می‌شود. پس از تبدیل DNA دو رشته‌ای به تک رشته‌ها سرعت حرکت قطعات DNA تک رشته‌ای بستگی به اندازه و توالی آن خواهد داشت زیرا مولکول‌های DNA تک رشته‌ای ساختار ثانویه‌ای را از طریق جفت شدن بازهای داخل رشته‌ای به خود می‌گیرند. برای یک مولکول DNA دو رشته‌ای ژن خاص پس از انجام SSCP دو باند تشکیل می‌شود که هر کدام نشان دهنده یکی از رشته‌های DNA اولیه می‌باشد.

این ژن در گوسفند بر روی کروموزوم ۱۱ قرار داشته و دارای ۵۴ اگزون می‌باشد [6, 10]. که یک آنزیمی با ۲۳۴۶ اسید آمینه را کد می‌کند. رونویسی ژن ACACA با پروموتورهای متعددی در بافت‌های خاص کنترل می‌شود. پروموتور یک اختصاصاً در بافت‌های چربی رونویسی را کنترل می‌کند، پروموتور دو در تمام بافتها فعالیت دارد و پروموتور سه نیز اختصاصی عمل می‌کند [6]. نقش استیل کوآ کربوکسیلاز در سنتز اسیدهای چرب بسیار مهم می‌باشد بطوری که در حضور این آنزیم و بیوتین، استیل کوآنزیم A با یک مولکول آنیدرید کربونیک ترکیب شده و مالونیل کوآنزیم A را تولید

برای صفات تحت مطالعه رکورد برداری شده و برای لوکوس‌های کاندیدا تعیین ژنوتیپ شده باشد. اگر توزیع فنوتیپی صفات در بین گروه‌های مختلف ژنوتیپی آن پلی-مورفیسم از نظر آماری معنی‌داری باشد فرض می‌شود که ژن کاندیدا اثر مستقیم روی صفت دارد و یا با یک لوکوس دیگر که اثر مستقیم بر صفت مورد نظر دارد همبسته است (از طریق عدم تعادل لینکاژ). در یک جامعه عدم تعادل لینکاژ ممکن است توسط جهش، انتخاب، رانش ژنتیکی تصادفی و یا مهاجرت و تقسیم شدن جوامع در جوامع با پایه ژنتیکی متفاوت حاصل شود. دسترسی به اثرات مستقیم ژن‌های کاندیدا برای صفات کمی امکان پذیر است. مطالعات ژن‌های کاندیدا زیادی برای شناسایی QTLها در جوامع مختلف انجام شده است. به عنوان مثال ژن‌های کد کننده هورمون رشد و فاکتور رشد شبه انسولین در خوک به عنوان ژن‌های کاندیدا مورد تحقیق قرار گرفتند. به هر حال روش ژن‌های کاندیدا معایبی هم دارد. اولاً، فقط یک ناحیه محدودی از ژنوم بررسی می‌شود در حالی که لوکوس‌های ناشناخته زیادی ممکن است صفت مورد نظر را تحت تأثیر قرار دهند. بنابراین شناسایی QTLهای جدید با استفاده از این روش امکان پذیر نیست. دوماً، روش ژن‌های کاندیدا ممکن است به سادگی در نتیجه ناقص بودن دانش ما در مورد نقش ژن ناموفق باشد. به عنوان مثال، اغلب اطلاعات عملی که می‌تواند برای انتخاب ژن‌های کاندیدا استفاده شوند از موجودات مدل مانند موش‌های ترانس ژنیک حاصل می‌شوند، بنابراین ممکن است استفاده از چنین اطلاعاتی برای مطالعه بیان فنوتیپ در جوامع طبیعی نامناسب باشد. سوماً، چون به دلیل عدم تعادل نوترکیبی ژن‌های سیبی لینک شده ممکن است نتایج مثبت اشتباه اتفاق بیافتد، بایستی در تفسیر نتایج مثبت ژن‌های کاندیدا محتاط بود. مزیت اصلی روش ژن کاندیدا این است که در هر جمعیتی که ثبت فنوتیپی صفات انجام شود، قابل کاربرد است. به ویژه در گونه‌هایی که فاصل نسلی طولانی و تعداد فرزندان کمتری دارند، این روش کاربردی‌تر است. با توجه به اینکه در این روش از تعداد معدودی ژن استفاده می‌شود، هزینه تحقیقات با این روش به مراتب کمتر از روش پویش ژنومی است. مهم‌ترین عیب این روش، وجود احتمالی ژنهای دیگری است که می-



توالی آغازگرفت:
GTGGCAAACGTTGTCTTCT

توالی برگشت:
CGTATGGGCTTCACTGACTG

جهت بهینه سازی واکنش PCR برنامه‌های حرارتی مختلفی استفاده شد. ولی در نهایت برنامه حرارتی زیر با ۳۲ چرخه، ایده‌آل‌ترین شرایط برای تکثیر اگزون ۱ ژن ACACA تشخیص داده شد. واسرشت سازی اولیه DNA به مدت ۵ دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد، واسرشت سازی DNA به مدت ۱ دقیقه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد، اتصال آغازگر به DNA به مدت ۴۵ ثانیه در دمای ۵۸ درجه سانتی‌گراد، بسط DNA به مدت ۴۵ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و بسط نهایی به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد انجام شد. برای تعیین صحت قطعه تکثیر یافته بعد از PCR از ژل آگارز ۲٪ استفاده شد. مقدار ۵ میکرولیتر از هر نمونه محصول PCR با دو میکرولیتر بافر بارگذاری مخلوط و در چاهک‌های ژل ریخته می‌شود. بهتر است در چاهک اول مقدار ۳ میکرولیتر از سایز مارکر و در چاهک دوم ۸ میکرولیتر از نمونه کنترل منفی (بدون DNA) ریخته شود. بعد از انتقال نمونه‌ها به چاهک، دستگاه الکتروفورز روشن و ولتاژ روی ۹۰ ولت تنظیم می‌شود، مدت زمان مورد استفاده جهت الکتروفورز بسته به طول ژل و ولتاژ دستگاه متغیر است. سپس ژل مورد نظر زیر نور فرابنفش در دستگاه ترانس لومیناتور مشاهده شد.

تعیین ژنوتیپ

تعیین الگوی ژنوتیپ نمونه‌ها به روش PCR-SSCP با استفاده از الکتروفورز عمودی بر روی ژل اکریل آمید و رنگ‌آمیزی با نیترات نقره انجام گرفت. مبنای تعیین ژنوتیپ تعداد الگو در هر چاهک و همچنین موقعیت الگوها بر روی ژل می‌باشد.

آنالیز آماری

آنالیز صفات با استفاده از نرم‌افزار SAS 9.2 انجام گردید. مدل‌های استفاده شده جهت ارتباط چندشکلی‌های ژن

می‌کند. ساختار و عملکرد ژن ACACA بر روی موش و گوسفند مورد بررسی قرار گرفته است. استیل کوآ کربوکسیلاز آنزیم محدود کننده سرعت در بیوسنتز پالمیتیک اسید و طول شدن رشته‌ی اسیدهای چرب است. جذب غذای پالمیتیک اسید خطر ابتلای به بیماری‌های عروقی در انسان را افزایش می‌دهد. استیل کوآ کربوکسیلاز آلفا، یک آنزیم آنزیم وابسته به بیوتین است که استیل کوآ را طی یک واکنش کربوکسیلاسیون برگشت‌ناپذیر به مالونیل کوآ تبدیل می‌کند. استیل کوآ کربوکسیلاز آلفا در گیاهان و پروکاریوت‌ها از چندین پلی‌پپتید ساخته شده است که به واسطه ژن‌های متفاوتی کد می‌شوند. در انسان و بیشتر یوکاریوت‌ها این پروتئین شامل یک استیل کوآ کربوکسیلاز با کربوکسیل ترانسفراز و بیوتین کربوکسیلاز و بیوتین حامل کربوکسیل بر روی یک پلی‌پپتید ساده است [6, 7, 14, 15, 17]. نواحی عملکردی استیل کوآ کربوکسیلاز از سمت N ترمینال به سمت C ترمینال شامل بیوتین کربوکسیلاز (BC) بیوتین متصل (BB)، کربوکسیلاز ترانسفراز (CT) و جایگاه اتصال ATP (AB) می‌باشد. AB درون BC می‌باشد. بیوتین بین یک باند آمید و یک زنجیره کناری طولی از لیزین قرار دارد. بیوتین در صورت احتیاج می‌تواند به سادگی بین هر دو جایگاه فعال تغییر مکان دهد.

مواد و روشها

جهت انجام مطالعه از ۷۴ نفر شتر یزدی در دو شهرستان بافق (ایستگاه تحقیقات شتر بافق) و طبس (در گله‌های مردمی) نمونه گیری به عمل آمد، از هر نفر شتر مورد رکورد برداری نمونه خون از رگ وداج و دادهای فنوتیپی مربوط به صفات مورد بررسی اخذ گردید.

تکثیر ژن ACACA

برای تکثیر قطعه ۲۸۹ bp از آغازگرهای رفت و برگشت که با نرم افزار Vector NTI طراحی شده بود استفاده گردید. این آغازگرها در شرکت متابیون سنتز شدند. توالی آغازگرها به شرح زیر می‌باشد:



DNA های استخراج شده از نظر کمیت و کیفیت یک دست نبودند، بطوری که بعد از بار گذاری نمونه‌ها بر ژل آگارز در بعضی از نمونه‌ها باند واضح و در بعضی از نمونه‌های دیگر باندهای ضعیف مشاهده شد، در این نمونه‌ها عمل استخراج بار دیگر صورت گرفت. تعیین خلوص DNA استخراج شده با روش اسپکتوفتومتری و ژل آگارز صورت گرفت نسبت OD280/OD260 در نمونه‌های DNA استخراج شده در محدوده ۱/۸ تا ۲/۰ قرار داشتند. برای بررسی توالی-های حاصله از نرم افزار BioEdit استفاده شد. با همردیف کردن توالی‌ها در داخل جمعیت مورد بررسی ۴ SNP مشاهده شد، که همه در ناحیه آگزون قرار داشتند، شامل C213A, A144G, C122G, C49T را نشان داد.

نتایج حاصل از آنالیز آماری صفات نشان داد که وزن بدن تحت تاثیر هیچ یک از مارکرهای یافته شده قرار نداشت. بیومتری‌های کوهان (ATB و AWB) به ترتیب تحت تاثیر مارکرهای (۳ و ۲) و (۲ و ۳) قرار داشتند.

ACACA با رکوردهای جمع‌آوری شده از نژادهای شتر مورد مطالعه در زیر توضیح داده شده است.

$$Y_{ijklm} = \mu + Y_{ei} + S_{ij} + S_{ek} + GI + e_{ijklm}$$

Y_{ijklm}: هر یک از مشاهدات مربوط صفات مورد بررسی

μ: میانگین صفت در جامعه

Y_{ei}: اثر آ امین سن حیوان

S_{ij}: اثر ج امین شهر مورد بررسی

S_{ek}: اثر k امین جنس حیوان

GI: اثر آ امین ژنوتیپ (ACACA)

e_{ijklm}: اثر عوامل باقیمانده

نتایج

جدول ۱: بررسی اثر SNP های یافته شده بر روی صفات مورد مطالعه در نژاد یزدی

SNP	ژنوتیپ	وزن بدن	ارتفاع بدن	طول بدن	دور کوهان	ATB	AWB
SNP1	GG	۳۶۹±۱۹	۱۷۵±۱/۸	۱۵۱/۵±۱/۸	۱۴۸±۳/۹	۴۵±۳/۷	۴۸±۴
	GA	۳۶۸±۱۷	۱۷۸±۱/۹	۱۴۸/۳±۱/۹	۱۵۲±۴/۵	۴۶±۳/۳	۵۳/۲±۴/۵
	AA	۳۴۷±۲۱	۱۷۴±۲/۴	۱۵۲/۴±۲/۶	۱۵۳±۴/۸	۴۸/۵۵±۳/۹	۵۲±۴/۲
SNP2	GC	۳۵۹±۱۵	۱۷۵±۱/۵	۱۵۲/۵±۱/۳	۱۴۶/۲±۴/۵	۴۲±۳/۱ ^b	۴۵±۴ ^b
	GG	۳۶۵±۱۷	۱۷۸±۱/۵	۱۴۹/۸±۱/۵	۱۵۳±۴/۴	۵۰±۳/۴ ^a	۵۵/۵±۴/۵ ^a
SNP3	TT	۳۴۸±۲۰	۱۷۳±۲/۲	۱۵۲/۱±۲/۱	۱۴۶±۴/۳	۴۱/۲±۳/۵ ^b	۴۸±۴/۶
	TC	۳۸۲±۱۹	۱۷۲±۲/۱	۱۵۰±۲/۱۵	۱۵۳/۲±۴/۵	۴۶/۲±۳/۴ ^{ab}	۵۲±۴/۲
	CC	۳۵۹±۱۷	۱۷۵±۱/۷	۱۵۰/۹±۱/۷	۱۵۱±۳/۸	۵۰/۲±۳/۳ ^a	۵۵±۴/۴
SNP4	TT	۳۶۱±۱۲	۱۷۳±۲/۴	۱۵۲±۲/۲۱	۱۴۹±۴/۵	۴۳/۴±۳/۲۶	۵۰±۴/۵
	GG	۳۶۳±۲۵	۱۷۲±۲/۸	۱۵۰/۳±۲/۵	۱۵۳±۳/۳	۴۹/۴۷±۳/۲	۵۴±۴/۲۵



ATB قوس در طول بدن، AWB قوس در عرض بدن

اثر معنی داری بر دور صورت داشتند در صورتی که بر سایر صفات اثری نداشت. ۳ SNP اثر معنی داری بر دور گردن نشان داد ولی تاثیری بر سایر صفات نداشت. SNP های ۱ و ۲ بر هیچ یک از صفات بیومتری اثر معنی دای نداشتند.

ارتفاع از جدوگاه، دور سینه، دور شکم، طول گردن و طول صورت نسبت به هیچ یک از مارکرهای یافته شده تغییرات معنی داری نشان ندادند. SNP2 اثر معنی داری بر دور گردن داشتند در صورتی که بر سایر صفات اثری نداشت. SNP4

جدول ۳: بررسی اثر SNP های یافته شده بر روی بیومتری بدن نژاد یزدی

SNP	ژنوتیپ	دور سینه	دور شکم	دور گردن	طول گردن	طول صورت	دور صورت
SNP1	GG	185±4/3	225±4/6	85/3±2/6	110±2/8	48/4±2/3	54±0/5 ^b
	GA	188/8±3	223±4/8	88/2±1/7	108±2/5	49±2/4	55±0/6 ^b
	AA	186±2/8	221±4/2	86±1/83	107±2/4	45±2/1	58±0/8 ^a
SNP2	GC	185±4/1	225±4/7	87/3±2/6	111±2/6	48/4±2/3	57/7±0/9
	GG	188/6±2	221±4/4	88/2±1/7	108/5±2/9	49/3±2/4	55/4±1
	TT	185±2/8	220±4/2	87±1/83	109/2±2/3	45/9±2/2	56/9±1/8
SNP3	TC	187±2/83	224±2/9	84/7±2/1	107±2/24	47/4±2/9	55/4±0/9
	CC	188±2/6	225±4/6	88/4±1/9	111±2/2	48±2/4	54/3±1/2
SNP4	TT	185±2/9	226±4/4	86±1/83	110±2/3	44±2/2	55/4±0/6
	GG	187±2/8	220±4/2	89/7±2/7	108±2/2	49±2/4	57/1±1

شاین و همکاران، با بررسی اینترون یک ژن ACACA در گاو نژاد هانوو(در کشور کره) دو SNP را پیدا کردند و گزارش کردند که با صفات لاشه و بافت ارتبا معنی داری دارد [10]. همانطور که انتظار داشتیم SNP های مشاهده شده اثر معنی داری بر صفات وابسته به تولید چربی مانند ATB و AWB نشان دادند، همانطور که سایر تحقیقات گزارش کرده بودند که این ژن نقش بالایی در متابولیسم چربی دارد یافته‌ای این تحقیق نیز تاییدی بر گزارشت پیشین بود. بیومتری‌های کوهان ارتباط مستقیمی با حجم چربی ذخیره شده دارد، از سوی از جمله‌ی ژن‌های کنترل کننده سوخت و ساز و ذخیره چربی ژن ACACA می‌باشد. SNP های یافته شده اثر معنی داری بر وزن زنده شتر نشان دادند، با توجه به این که بخش زیادی از وزن شتر شامل کوهان می‌شود و کوهان نیز خود چربی انباشته شده است و

مولی و همکاران بر روی ۴ نژاد گوسفند ایتالیای ژن ACACA را بررسی کرده بود سه SNP را در موقعیت 4412، 4485 و 4507 مشاهده نمود [10]. نوکلئوتید 4485 در نژادهای ایتالیای توسط مولی و همکاران، یک SNP گزارش شده بود که نوکلئوتید C با نوکلئوتید G جایگزین شده که به صورت هتروزیگوت مشاهده شده بود [10]. در نوکلئوتید 4507 که توسط مولی و همکاران [10] گزارش کردند که این سه SNP مشاهده شده بین نژادهای مختلف فراوانی‌های مختلفی داشتند ولی بر روی صفات تولیدی اثر معنی داری مشاهده نکردند. مولی و همکاران، سه SNP در پروموتور استیل کوآ کربوکسیلاز آلفا در نوکلئوتیدهای 1230، 1328 و 1430 شناسای و فراوانی آن‌ها را در سه نژاد گوسفند ایتالیای تعیین کردند [10].



[2] Consortium FF. A candidate gene for familial Mediterranean fever. *Nature genetics*. 1997;17:25.

[3] Gallardo D, Quintanilla R, Varona L, Díaz I, Ramirez O, Pena R, et al. Polymorphism of the pig acetyl-coenzyme A carboxylase α gene is associated with fatty acid composition in a Duroc commercial line. *Animal genetics*. 2009;40:410-7.

[3] Garcia-Cuellar M, Zilles O, Schreiner S, Birke M, Winkler T, Slany R. The ENL moiety of the childhood leukemia-associated MLL-ENL oncoprotein recruits human Polycomb 3. *Oncogene*. 2001;20:411-9.

[4] Ghodsian I, Nowrouzian I, Schels H. A study of some haematological parameters in the Iranian camel. *Tropical animal health and production*. 1978;10:109-10.

[5] Holmes SE, O'Hearn EE, McInnis MG, Gorelick-Feldman DA, Kleiderlein JJ, Callahan C, et al. Expansion of a novel CAG trinucleotide repeat in the 5' region of PPP2R2B is associated with SCA12. *Nature genetics*. 1999;23:391-2.

[6] Kennedy SR, Bickerdike R, Berge RK, Dick JR, Tocher DR. Influence of conjugated linoleic acid (CLA) or tetradecylthioacetic acid (TTA) on growth, lipid composition, fatty acid metabolism and lipid gene expression of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture*. 2007;272:489-501.

[7] Lahiri S. Blood oxygen affinity and alveolar ventilation in relation to body weight in mammals. *Am J Physiol*. 1975;229:529-36.

[8] Levy-Lahad E, Wasco W, Poorkaj P, Romano DM, Oshima J, Pettingell WH, et al. Candidate gene for the chromosome 1 familial Alzheimer's disease locus. *Science*. 1995;269:973-7.

[9] Moiola B, Scata M, Matteis G, Annicchiarico G, Catillo G, Napolitano F. The ACACA gene is a potential candidate gene for fat content in sheep milk. *Animal genetics*. 2013;44:601-3.

[10] Odbileg R, Purevtseren B, Batsukh Z, Konnai S, Ohashi K, Onuma M. Complete cDNA sequences and phylogenetic analyses of the Th1 and Th2 cytokines of the bactrian camel (*Camelus bactrianus*). *Journal of veterinary medical science*. 2006;68:941-6.

همچنین سایر اندام‌های بدن (ماهیچه، زیر پوست، بافت چربی و اطراف بافت‌های حساس بدن) دارای چربی می‌باشد. در مغولستان وزن زنده شتر دوکوهانه اخته ۸۵۰-۷۵۰ کیلوگرم گزارش شده است که لاشه خالص مصرف آن ۴۲۵-۳۷۵ کیلوگرم می‌باشد و شامل ۱۰۰ کیلوگرم چربی است، در نتیجه می‌توان گفت که چربی نقش تعیین کننده‌ی در وزن بدن شتر ایفا می‌نماید. ژن ACACA یک ژن کاندید برای مقدار چربی شیر می‌باشد به طوری که جهش‌های مشاهده شده در مطالعه مولی و همکاران [16] ارتباط معنی‌داری را با مقدار تولید چربی شیر نشان داد. در مطالعه سانگ و همکاران بر روی گاوهای نژاد هانو SNP‌های مشاهده شده در این ژن بروی صفات وزن بدن، وزن لاشه و رنگ گوشت ارتباط معنی‌داری را نشان داد، ولی در سایر صفات مورد بررسی ارتباط معنی‌داری مشاهده نشده است [7]. در مطالعه دیگری باداوی و همکاران بر روی بز انجام داند نیز گزارش شده که جهش‌های مشاهده شده در این مطالعه ارتباط معنی‌داری بر مقدار چربی تولیدی، لاکتوز تولیدی و شمار سلول‌های بدنی دارد. در مطالعه گالاردو و همکاران روی خوک گزارش کردند که دو جهش در این ژن ارتباط معنی‌داری با صفاتی همچون چربی ماریبلینگ، اسیدهای چرب غیر اشباع با یک پیوند دوگانه و اشباع (میریسیتیک، پالمیتیک و استئاریک) و اسدهای چرب با چند پیوند دوگانه (لینولئیک)، کلسترول و HDL مشاهده کردند. در این مطالعه SNP A پیدا شد که ارتباط معنی‌دار با صفاتی همچون مقدار تری گلیسرید، پروفایل اسیدهای چرب، ضخامت چربی پشت، کل اسیدهای چرب غیر اشباع با یک پیوند دوگانه، کل اسیدهای چرب اشباع کل چربی و درصد تری گلیسرید گزارش کردند.

منابع

[1] Aguan K, Scott J, See CG, Sarkar NH. Characterization and chromosomal localization of the human homologue of a rat AMP-activated protein kinase-encoding gene: a major regulator of lipid metabolism in mammals. *Gene*. 1994;149:345-50.