



## بررسی چندشکلی در دو جایگاه ژن STAT1 در گاو هلشتاین استان اصفهان

غلامحسین عسکری\*<sup>۱</sup>، سعید انصاری مهباری<sup>۲</sup>، قدرت رحیمی میانجی<sup>۳</sup>، زربخت انصاری<sup>۳</sup>  
۱ و ۳ - دانشجوی کارشناسی ارشد علوم دامی و اعضا هیات علمی گروه علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری  
عضو هیات علمی گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان

[mohsen4794@yahoo.com](mailto:mohsen4794@yahoo.com)\*

چکیده:

این مطالعه جهت بررسی وجود چندشکلی و محاسبه فراوانی آللی و ژنوتیپی ژن STAT1 در گاوهای هلشتاین استان اصفهان صورت گرفت. STAT1، پروتئینی از فاکتورهای رونویسی است که سیگنالهای بیولوژیک را از فضای خارج به داخل هسته عبور می‌دهد. ژن STAT1 در کروموزوم شماره ۲ در بازوی q و در موقعیت ۲۹۳۲،۲ قرار دارد و دارای ۲۰ اینترون و ۱۹ اگزون است. در این مطالعه از ۳۵۰ راس گاو هلشتاین مربوط به پنج گاوداری این استان، پس از جمع آوری نمونه های خون، DNA ژنومی به روش نمکی بهینه استخراج گردید. سپس روی نمونه ها PCR انجام شد و محصولات حاصل از PCR در حضور آنزیم PagiI مورد هضم قرار گرفتند. در این مطالعه دو جایگاه از ژن مورد نظر مورد بررسی قرار گرفت که در یکی از جایگاه ها هیچگونه چند شکلی مشاهده نشد و در جایگاه دیگر ژنوتیپهای BB، CC، DD، AC، AB، BC، BD، CD با فراوانیهای به ترتیب ۰/۰۹۹۹، ۰/۰۸۵۶، ۰/۰۵۱۴/۲۸۵، ۰/۰۰۸۵، ۰/۰۰۸۵/۰۳۴۱، ۰/۰،۰۰۸۵/۰۴۲۷ و ۰/۰۴۲۷ مورد شناسایی قرار گرفتند. فراوانی آللی نیز برای A، B، C و D به ترتیب ۰/۰۲۹۸، ۰/۱۲۵، ۰/۳۴۲ و ۰/۵۰۳۲ به دست آمد. براساس نتایج بدست آمده جمعیت مورد مطالعه در تعادل هاردی- واینبرگ قرار نداشت (p < ۰/۰۰۰۱).

کلمات کلیدی: چند شکلی، STAT1، گاو هلشتاین، RFLP\_PCR

مقدمه

STAT<sup>۱</sup>، به عنوان یک تنظیم کننده در بیان و چگونگی فعالیت ژن های مرتبط عمل می‌کند (Weiguo and Hershei., 2007). بر اساس گزارشات منتشر شده، خانواده ی STAT گاوی، دارای ۷ عضو بوده که شامل: STAT1، STAT2، STAT3، STAT4، STAT5A، STAT5B، STAT6 می‌باشند (Cobanoglu et al., 2006). دو عضو STAT1 و STAT4 روی کروموزوم شماره دو و سه عضو STAT5A، STAT5B و STAT3 روی کروموزوم شماره ۱۹ و یک عضو STAT6 روی کروموزوم شماره پنج قرار دارند. لازم به ذکر است STAT2 هنوز نقشه‌یابی نشده است (Durbin et al., 1996). ژن STAT1 در کروموزوم شماره ۲ در بازوی q و در موقعیت ۲۹۳۲،۲ قرار دارد و دارای ۲۰ اینترون و ۱۹ اگزون است. یکی از رایج و اصلی‌ترین محدوده‌های فعالیت پروتئین STAT1، فعالیت وابسته به رونویسی STAT1 به عنوان بازدارنده تولید اینترفرون IFN<sup>۲</sup> برای جلوگیری از رشد بیش از حد سلول است. این احتمال وجود دارد که از دست دادن پروتئین STAT1 به هر دلیل باعث شیوع بیماری سرطان، به علت اختلال در مسیر کنترل منفی رشد سلولی می‌شود (levy and Gilliland., 2000). پژوهش‌های انجام شده نشان دادند که در موش کاهش STAT1 بر ابقای

<sup>۱</sup> - Signal Transducer and Activator of transcription

<sup>۲</sup>- interferon

لنفوسیت و افزایش آن در پاسخ به IFN تأثیر گذار است (Lee et al., 2000). همچنین موشهای دارای STAT1 با فعالیت ناکارآمد یا ناقص، نسبت به عفونت‌ها و آلودگی‌های ویروسی و باکتریایی بسیار حساس‌تر هستند (Gavrilescu et al., 2004). اهمیت این پروتئین‌ها از نقطه نظر علم پرورش دام در تمایز، رشد و تکامل غدد پستانی می‌باشد (Watson and Neoh., 2008).

گزارش شده است که عامل STAT از راه‌های مختلفی در تمایز غدد پستانی موثر می‌باشد اما چون STAT1 طی تنظیم تکامل غدد پستانی نسبت به دیگر انواع STAT، مانند نوع ۳ و ۵، الگوی متفاوتی را نشان می‌دهد لذا تشخیص این موضوع که کدام STAT در غدد پستانی و در تنظیم پیشرفت و توسعه آن بیان می‌شود بسیار مهم است. با بررسی mRNA های به دست آمده از غدد پستانی در روزهای ۷، ۱۳ و ۱۶ آبستنی و روزهای ۱ و ۱۴ شیردهی به این نتیجه رسیدند که بیان STAT1 و STAT3 در خلال دوره، ثابت بوده اما بیان STAT4 و STAT5 در طول تمایز غدد پستانی روی داده و متناسب با آن می‌باشد (Watson., 2001). نتایج مطالعات روی اثر STAT1 در سلولهای سوماتیک شیر که یک شاخص برای سلامتی غدد پستانی در گاو است با گزارش‌های مشابه در انسان و موش متناظر بوده و گزارش شده است که این ژن در این شاخص هم موثر است.

#### مواد و روش‌ها:

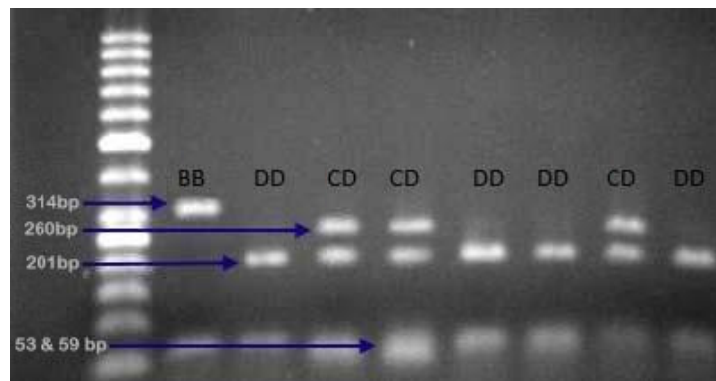
**خون گیری و استخراج DNA:** پس از ارزیابی اولیه گله‌های تجاری شیری در سطح استان اصفهان به طور تصادفی ۳۵۰ رأس گاو هلشتاین از پنج گاو داری انتخاب و از آن‌ها نمونه خون تهیه و به آزمایشگاه بیوتکنولوژی دانشگاه صنعتی منتقل گردید. نمونه‌ها در لوله‌های ونوجکت<sup>۱</sup> حاوی ۵۰ میلی مول EDTA ریخته و فریز شدند. پس از یخ‌گشایی، DNA ژنومی به روش نمکی بهینه از سلول‌های لکوسیت استخراج گردید و با استفاده از ژل آگاروز ۰/۷ درصد، DNA از لحاظ کمیت و کیفیت مورد ارزیابی قرار گرفت.

**تکثیر قطعه مورد نظر بوسیله PCR:** واکنش PCR جهت تکثیر قطعه ۳۱۴ جفت بازی مورد نظر با استفاده از آغازگر-F: 5-GGCTCCCTTGATAGAACTGT-3 و آغازگر R: 5-GGCTCCCTTGATAGAACTGT-3 برای برگشت صورت پذیرفت. شرایط واکنش PCR، برای جایگاه مورد مطالعه به صورت زیر است: ۲ میکرولیتر دی ان آ، ۲ میکرولیتر بافر پی سی آر X، ۰/۷ میکرولیتر MgCl<sub>2</sub> ۵۰ میلی مولار، ۱/۵ میکرولیتر از هر آغازگر، ۲۵۰ میکرومولار dNTPs و ۰/۵ میکرولیتر آنزیم TaqDNA پلیمرز و برای رسیدن به حجم مورد نظر از آب مقطر استفاده شد. مراحل واکنش شامل واسرشته سازی ابتدایی دردمای ۹۵ درجه سانتیگراد برای ۵ دقیقه، ۳۵ سیکل شامل ۹۵ درجه به مدت ۳۰ ثانیه جهت واسرشته سازی، دمای ۶۳ درجه به مدت ۳۰ ثانیه جهت اتصال آغازگرها و ۳۰ ثانیه دردمای ۷۲ درجه جهت تکثیر نهایی شامل ۱۰ دقیقه دردمای ۷۲ درجه سانتیگراد انجام گرفت. جهت صحت قطعه بدست آمده از محصول PCR، ۵ میکرولیتر از هر محصول را با ۱ میکرولیتر بافر بارگذاری (۶X) مخلوط شد و بر روی ژل آگاروز ۱،۵ درصد الکتروفورز شد و با رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید مورد تأیید و ارزیابی قرار گرفتند. از نشانگر وزنی M100 برای تشخیص اندازه قطعه مورد نظر استفاده گردید.

واکنش PCR برای جایگاه دیگر با استفاده از آغازگر 5'-ATGCGAAGAACTGACTCAACTGG-3' برای رفت و 5'-GTGCCCTTCAGAACTGTTTCAGG-3' برای برگشت صورت گرفت. شرایط واکنش PCR مشابه شرایط بیان شده بود و تنها دمای واسرشته سازی متفاوت بود و برابر ۶۲ درجه سانتیگراد بود. بررسی این جایگاه با روش PCR-SSCP انجام گرفت.

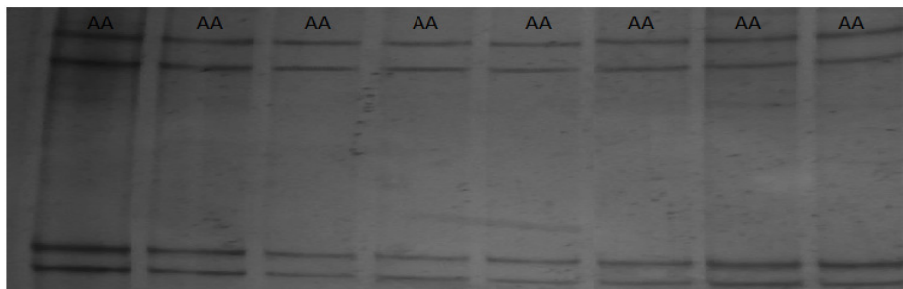


تعیین ژنوتیپ: در بررسی چند شکلی ژن STAT1 از آنزیم محدودگر Pagi استفاده شد. جهت هضم آنزیمی، حجم نهایی واکنش ۲۰ میکرولیتر در نظر گرفته شد. میزان محصول پی سی آر، آنزیم و بافر آنزیم مورد استفاده برای هضم به ترتیب ۵، ۱۲، ۲۰ و ۲۰ میکرولیتر در نظر گرفته شد و با استفاده از آب مقطر حجم نهایی به ۲۰ میکرولیتر رسانده شد. نمونه ها در بن ماری و در دمای ۳۷ درجه سانتیگراد برای ۱۲ ساعت قرار گرفته و سپس نمونه ها روی ژل آگاروز ۲ درصد الکتروفورز شد و برای تشخیص اندازه باندها، از نشانگر وزنی ۵۰bp استفاده شد پس از رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید، محصولات هضم مورد شناسایی قرار گرفته شد. (شکل ۱) و با توجه به اینکه این آنزیم برشی اختصاصی ما دارای دو جایگاه برش در طول محصول پی سی آر بود تعداد ژنوتیپ های زیادی مشاهده شد بررسی و فور ژنی و ژنوتیپی با شمار مستقیم ژنوتیپ ها انجام پذیرفت. پس از بررسی هر ژل، بر اساس اختلاف در اندازه قطعات روی ژل نام گذاری ژنوتیپ انجام گرفت.



شکل ۱ محصول هضم آنزیمی

در جایگاه دوم پس از بررسی های انجام شده هیچ گونه چند شکلی مشاهده نشد و تمامی نمونه ها یک شکل بودند. (شکل ۲)



نتیجه آزمون PCR-SSCP قطعه ۳۲۱ جفت بازی از ژن STAT1 در نژاد هلشتاین

### نتایج و بحث

محصول واکنش PCR قطعه ای به اندازه ۳۱۴ جفت باز است که روی ژل آگاروز ۱،۵ درصد مورد شناسایی قرار گرفت. الگوهای ژنوتیپی حاصل از هضم، با توجه به اینکه این آنزیم برشی اختصاصی ما دارای دو جایگاه برش در طول محصول پی سی آر بود حاکی از وجود

دو نوع آلل A و B در جایگاه اول برش آنزیم و C و D در جایگاه دوم برش آنزیمی بود. به این صورت که برش در جایگاه اول با آلل A و عدم برش با آلل B نشان داده می‌شود و در جایگاه برش دوم ایجاد برش توسط آنزیم برشی با آلل C و عدم برش با آلل D نشان داده می‌شود. و در پایان فراوانی ژنی و ژنوتیپی برای ژنوتیپ‌ها و آلل‌های موجود محاسبه شد که به این صورت بود ژنوتیپ‌های BB، CC، DD، AC، AB، BC، BD، CD با فراوانی‌های به ترتیب ۰/۰۹۹۹، ۰/۰۸۵۶، ۰/۰۵۱۴/۲۸۵، ۰/۰۰۸۵، ۰/۰۰۳۴۱/۰۰۸۵، ۰/۰۰۴۲۷، مورد شناسایی قرار گرفتند. فراوانی آللی نیز برای A، B، C و D به ترتیب ۰/۰۲۹۸، ۰/۱۲۵، ۰/۳۴۲ و ۰/۵۰۳۲ به دست آمد. براساس آزمون مربع کای نتایج بدست آمده نشان دادند جمعیت مورد مطالعه از نظر ژن STAT1 در تعادل هاردی-واینبرگ قرار نداشت (۰/۰۰۰۱ < p).

#### منابع:

- 1- Cobanoglu, O., I. Zaitoun, Y.M. Chang, G.E. Shook and H. Khatib. (2006). Effects of the signal transducer and activator of transcription 1 (*STAT1*) gene on milk production traits in Holstein dairy cattle. *Journal of Dairy Science.*, 89: 4433-4437.
- 2- Durbin, J.E., R.E. Hackenmiller, M.C. Simon and D. E. Levy. (1996). Targeted disruption of the mouse *STAT1* gene results in compromised innate immunity to viral disease. *Cell*, 84: 443-450.
- 3- Gavrilescu, L.C., B.A. Butcher, L.D. Rio, G.A. Taylor and E.Y. Denkers. (2004). *STAT1* is essential for antimicrobial effector function but dispensable for gamma interferon production during *Toxoplasma gondii* infection. *Infection and Immunity*, 72: 1257-1264.
- 4- Lee, CK, E. Smith, R. Gimeno, R. Gertner, and DE. Levy. (2000). Divergent roles of *STAT1* and *STAT5* in malignancy as revealed by gene disruptions in mice. *Journal of Immunology*. 164: 1286-1292.
- 5- Watson, C.J. and K. Neoh. (2008). The *STAT* family of transcription factors have diverse roles in mammary gland development. *Seminars in cell & developmental biology*, 19: 401-406.
- 6- Weiguo, C., K. Gurjit and K. Hershey. (2007). Signal transducer and activator of transcription signals in allergic disease. *Journal Allergy Clinical Immunol.*, 119: 521-549.

## Polymorphism study in *STAT1* gene at two positions in Holstein cows of Isfahan province

Gholamhosain Askary<sup>1\*</sup>, Saeid Ansari Mahyari<sup>2</sup>, Ghodrat Rahimimianji<sup>3</sup>, Zarbakt Ansari<sup>3</sup>

1, 3- Department of Animal Science, University of Agriculture Sciences and Natural Resources of Sari

2- Department of Animal Science, College of Agriculture, Isfahan University of Technology

[Mohsen4794@yahoo.com](mailto:Mohsen4794@yahoo.com)\*

### Abstract

This experiment was performed to study a mutation in *STAT1* gene and calculate allelic and genotypic frequencies. The *STAT1* gene is one of a series of the genes which passes biological signals from out of nucleus into the inner parts. This factor has a regulator action in the gene expression and function. *STAT1* is located on chromosome-2 at 2q32.2 containing 20 introns and 19 exons. Three hundred fifty blood samples were collected from Holstein cattle herds and DNA was extracted using modified salting out method. Two positions were studied. One fragment with 321bp polymerase chain reaction (PCR) products was studied but polymorphism was not observed. Another fragment with 314bp by specific



دانشگاه صنعتی اصفهان

همایش ملی نقش بیوتکنولوژی در علوم دامی

گروه علوم دامی دانشگاه صنعتی اصفهان

۳۱ شهریور ماه ۱۳۹۰

همایش ملی  
نقش بیوتکنولوژی در علوم دامی

primer pairs was studied and PCR products were electrophoresed. RFLP method was used to for genotyping and the resultant PCR products were digested by Pag1 enzyme. Genotyping results showed that the genotypes BB, CC, DD, AC, AB, BC, BD, CD with frequencies of 0.0999, 0.0856, 0.0285, 0.0514, 0.0085, 0.0341, 0.0085 and 0.427; and the alleles A, B, C, D with frequencies 0.0298, 0.125, 0.342, 0.5032. *Results showed that in STAT1 gene there is not Hardy-Weinberg equilibrium in this population.*

**Keywords:** Holstein cow, STAT1, SSCP