



Original Research Paper

Genetic diversity of exon 13 and Intron 9 in Zfat gene and its association with height traits in crossbred horses of Golestan province

Mobina Hoseini Atrachali, Mojtaba Ahani Azari *, Aria Saedi

Department of Genetics and Breeding and Animal Physiology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran

Key Words

Crossbred Horse
Zfat
Biometric trait

Abstract

Introduction: In this research, the characteristics of the distance from the withers to the ground, the back to the ground, the head to the ground, and the tail to the ground in 100 thoroughbred horses in Golestan province, which were randomly selected, and the effect of the ZFAT gene polymorphism on diversity of these traits were evaluated.

Materials & Methods: To prepare blood samples, 5 to 7 ml was taken from the jugular vein of horses. DNA extraction from blood samples was done through the optimized saline method. After extracting DNA and evaluating their quantitative and qualitative characteristics, two regions of exon 13, including a fragment of 476 bp and intron 9 of ZFAT gene with a length of 457 bp, were amplified by PCR. To determine the polymorphism of PCR products, PCR-RFLP and PCR-SSCP methods were used to study regions of the gene. After identification of the genotypes, statistical analysis was performed to check the relationship between the mentioned genotypes and biometric traits, and the statistical analysis was performed with the linear GLM procedure of SAS software.

Results: The results of the present study showed that the ZFAT gene was polymorph in the intronic region and based on the number and size of digestive fragments in this gene region, three genotypes CT, TT and CC were observed with frequencies of 0.81, 0.11 and 0.08 respectively. Also, the calculations showed that the frequencies of T and C alleles are 0.86 and 0.14, respectively. The results of vertical electrophoresis of SSCP products showed three different band patterns on polyacrylamide gel, which indicated the existence of polymorphism and genetic diversity in exon 13 of ZFAT gene in thoroughbred horses. In this research, it was found that the frequency of band patterns A, B and C was 0.53, 0.40 and 0.07 respectively in the studied animals.

Conclusion: Despite the observation of polymorphism in the above two areas, no association was observed between the studied traits and the types of genotypes, and regardless of this issue, considering the reliable reports that show the significant role of this locus on the height traits of the horse, it is suggested in the future researches, along with other gene loci, association of this gene with economic traits, including body size should be studied.

* Corresponding Author's email: ahani@gau.ac.ir

Received: 31 May 2022; Reviewed: 4 July 2022; Revised: 6 September 2022; Accepted: 8 October 2022

(DOI): [10.22034/AEJ.2022.354502.2860](https://doi.org/10.22034/AEJ.2022.354502.2860)

مقاله پژوهشی

بررسی چند شکلی نواحی اگزون ۱۳ و اینترون ۹ ژن ZFAT و ارتباط آن با صفات ارتفاع بدن در اسب‌های دوخون استان گلستان

مبینا حسینی‌اتراچالی، مجتبی آهنی‌آزری*، آریا ساعدی

گروه ژنتیک و اصلاح نژاد و فیزیولوژی دام، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران

چکیده

کلمات کلیدی

اسب دوخون
ژن ZFAT
صفات بیومتری

مقدمه: در این تحقیق، صفات فواصل جدوگاه تا زمین، ناحیه پشت تا زمین، کپل تا زمین، و دم تا زمین در ۱۰۰ رأس اسب دوخون در سطح استان گلستان که به صورت تصادفی انتخاب شده بودند مورد بررسی قرار گرفت و تاثیر چندشکلی ژن ZFAT بر تغییرات این صفات ارزیابی گردید.

مواد و روش‌ها: برای تهیه نمونه‌های خون از سیاهرگ گردنی اسب‌ها به میزان ۵ تا ۷ میلی‌لیتر نمونه‌گیری شد. استخراج DNA از نمونه‌های خون به طریق روش نمکی بهینه یافته انجام گردید. پس از استخراج DNA و ارزیابی خصوصیات کمی و کیفی آن‌ها، دو ناحیه اگزون ۱۳ شامل قطعه‌ای به طول ۴۷۶ و اینترون ۹ ژن ZFAT با طول ۴۵۷ جفت بازی به وسیله واکنش PCR تکثیر شدند. برای تعیین چند شکلی محصولات PCR روش‌های PCR-RFLP و PCR-SSCP به ترتیب برای بررسی نواحی اینترون ۹ و اگزون ۱۳ ژن مورد استفاده قرار گرفتند. پس از تشخیص ژنوتیپ‌ها، تجزیه آماری به منظور بررسی ارتباط ژنوتیپ‌های مذکور با صفات بیومتری انجام گردید و تجزیه آماری با رویه خطی GLM نرم‌افزار SAS انجام شد.

نتایج: نتایج مطالعه حاضر نشان داد که ژن ZFAT در ناحیه اینترونی مورد نظر دارای چندشکلی می‌باشد و براساس تعداد و اندازه قطعات هضمی در این ناحیه ژنی سه ژنوتیپ TT, CT و CC به ترتیب با فراوانی‌های ۰/۸۱، ۰/۱۱ و ۰/۰۸ مشاهده شدند. همچنین محاسبات نشان داد فراوانی آللی T و C به ترتیب ۰/۸۶ و ۰/۱۴ می‌باشد. نتایج حاصل از الکتروفورز عمودی محصولات SSCP سه الگوی مختلف باندی را روی ژل پلی‌اکریل‌امید نشان داد که این بیانگر وجود چندشکلی و تنوع ژنتیکی در جایگاه اگزون ۱۳ ژن ZFAT در اسب‌های دوخون بود. در این تحقیق، مشخص شد در حیوانات مورد مطالعه فراوانی الگوی باندی A، B و C به ترتیب ۰/۵۳، ۰/۴۰ و ۰/۰۷ بوده است.

بحث و نتیجه‌گیری: علی‌رغم مشاهده چندشکلی در دوناچه فوق، بین صفات مطالعه شده و انواع ژنوتیپ‌ها ارتباطی مشاهده نشد و صرف نظر از این موضوع با توجه به گزارشات موثقی که نقش قابل توجه این جایگاه ژنی را بر ارتفاع بدن اسب نشان می‌دهد پیشنهاد می‌گردد در تحقیقات آتی همراه با سایر جایگاه‌های ژنی ارتباط این جایگاه نیز با صفات اقتصادی شامل اندازه‌های بدنی مورد مطالعه قرار گیرد.

مقدمه

اشاره کرد (۸). ژن ZFAT یک فاکتور رونویسی می‌باشد که به‌نظر می‌رسد در روند تکامل اسپروماتوزن نقش داشته و پلی‌مورفیسم این ژن در اندازه و ارتفاع بدن اسب در ارتباط است. ژن ZFAT روی کروموزوم شماره ۹ قرار دارد و دارای ۲۰ اینترون و ۲۰ اگزون است. یک تجزیه و تحلیل گسترده در سطح ژنوم، با بررسی ۶۵ نژاد اسب، ۴۵ مکان را در کروموزوم‌های ۳، ۶، ۹ و ۱۱ در نزدیکی جایگاه‌های ZFAT, LASP1, NCAPG/LCORL, HMGA2 شناسایی کرد و نشان داد ۸۳ درصد تغییرات در اندازه بدن اسب را ایجاد می‌کنند (۸). بر اساس برخی تحقیقات، ژن ZFAT نقش مهمی در خون‌سازی داشته و با ارتفاع بدن اسب ارتباط دارد (۸، ۱۳). سایر تحقیقات نشان داده ژن اسب با ژن ZFAT انسان مشابه است و بر ارتفاع بدن تاثیر می‌گذارد (۷، ۱۲). سایر محققان در تحقیقات خود بر روی اسب نشان دادند جایگاه ژنی شامل ژن LORL روی کروموزوم ۳ و ژن ZFAT روی کروموزوم ۹ به‌طور قابل توجهی با رکوردهای فنوتیپی علی‌الخصوص با ارتفاع جدوگاه ارتباط دارند (۱۰). با توجه به این‌که تاثیر چندشکلی ژنی ZFAT بر روی خصوصیات بدنی و صفات بیومتری اسب‌های نژاد دوخون کم‌تر مورد مطالعه قرار گرفته و اطلاعات چندانی در این خصوص وجود ندارد و از طرفی اهمیت اقتصادی آن، در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفته است.

مواد و روش‌ها

این تحقیق در آزمایشگاه ژنتیک مولکولی دانشکده علوم دامی در دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان انجام شد. در این مطالعه تعداد ۱۰۰ راس اسب نژاد دوخون (شامل نر یا ماده) در سنین ۲، ۳ و ۴ سال از مناطق مختلف استان گلستان شامل شهرستان‌های گنبدکاووس، آق قلا و بندرترکمن به‌طور تصادفی انتخاب شده و صفات بیومتری شامل فاصله جدوگاه تا زمین، فاصله ناحیه پشت تا زمین، فاصله کپل تا زمین و فاصله دم تا زمین در آن‌ها بررسی گردید. اطمینان از اصالت و سنین اسب‌ها با تایید مالکین، مربیان و هم‌چنین مراجعه به شجره و شناسنامه آن‌ها صورت گرفت. برای تهیه نمونه‌های خون از سیاهرگ گردنی اسب‌ها به‌میزان ۵ تا ۷ میلی‌لیتر نمونه‌گیری شد. خون‌های اخذ شده در داخل لوله‌های دارای EDTA و با حفظ شرایط سرمابه آزمایشگاه منتقل شدند و در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد جهت انجام آزمایش‌های مربوطه نگاه‌داری شدند. استخراج DNA از طریق روش نمکی بهینه یافته انجام شد و پس از استخراج DNA، جهت ارزیابی کمی و کیفی DNA از روش الکتروفورز بر روی ژل آگارز ۱ درصد استفاده شد. به‌منظور تکثیر قطعه ۴۵۷ جفت بازی ناحیه اینترون ۹ و قطعه ۴۷۶ جفت بازی اگزون ۱۳ ژن ZFAT واکنش

امروزه نژادهای مختلفی از اسب درجهان وجود دارد که از نظر نوع فعالیت، تیپ، رنگ، وزن، شکل و غیره با یکدیگر تفاوت‌های زیادی دارند (۳). برخی اسب‌ها با قابلیت‌های ورزشی بالا بوده و در مسابقات مختلف مورد استفاده قرار می‌گیرند و گروهی برای جنبه‌های زیبایی شناسی و برخی جهت کار در مزرعه و بارکشی استفاده می‌شوند. برای پرورش‌دهندگان اسب‌های تیپ ورزشی، اندازه‌های بدن یک پارامتر ضروری در پیش‌بینی عملکرد و کارایی نژادهای مختلف، برای رتبه‌بندی اسب است. اگرچه بیش‌تر صفات اقتصادی در حیوانات اهلی به‌عنوان صفات کمی شناخته شده‌اند و تحت تاثیر تعداد بسیار زیادی ژن قرار دارند، اما تحقیقات اخیر نشان داده است که این صفات تحت کنترل تعدادی ژن‌های اصلی و بزرگ اثر می‌باشند که شناسایی آن‌ها در اسب‌ها از نظر تجاری بسیار حائز اهمیت است (۲، ۸، ۱۰). اسب‌ها صرف نظر از توانایی‌های بدنی در نواحی مختلف جهان و کشور پراکنده هستند. یکی از مناطق مهم پرورش اسب در ایران استان گلستان است. این استان یکی از مراکز پرورش بهترین نژادهای اسب اصیل ایرانی یعنی اسب ترکمن می‌باشد که در مسابقات سوارکاری بسیار مورد توجه هستند. اسب در میان مردم این منطقه از جایگاه والایی برخوردار بوده و همه ساله مسابقات اسب دوانی با ترتیب و نظم خاصی در مجموعه‌های سوارکاری شهرستان‌های گنبدکاووس، آق قلا و بندرترکمن برگزار می‌شود (۳). متأسفانه در سال‌های اخیر با ورود اسب‌های تروبرد و دوخون از کشورهای مختلف و تلفیح آن‌ها با مادیان‌های اصیل ترکمن برای تولید کره اسب و اسب‌های تندرو، نسل اسب‌های اصیل ترکمنی رو به نابودی است (۳). اسب دوخون از اختلاط دو نژاد ترکمن و تروبرد، تولید می‌شود که دارای ویژگی‌های جسارت، سرعت و چابکی می‌باشد و به نسبت درصد خونی که از سوی یکی از والدین دارد تشابه آن به اسب تروبرد یا ترکمن بیش‌تر است (۱). باعنایت به این‌که در سال‌های اخیر ورزش سوارکاری و برگزاری مسابقات در نواحی مختلف کشور بسیار مورد توجه قرار گرفته است. لازم است مالکان، خریداران و دست‌اندرکاران این امور علاوه بر شکل ظاهری اسب‌ها، اطلاعاتی در خصوص ساختار و ارزش ژنتیکی این اسب‌ها داشته باشند. امروزه برای ارزیابی ژنتیکی حیوانات روش‌های مولکولی دقیقی در دسترس بوده و با اطلاعات مفیدی که از آن‌ها به‌دست می‌آید و تلفیق آن‌ها با نتایجی که از تجزیه و تحلیل رکوردها با روش‌های آماری به‌دست آمده کمک زیادی در شناسایی اسب‌های برتر می‌شود. هم‌اکنون با استفاده از روش‌هایی نظیر GWAS (*Genome-wide association studies*) مشخص شده که چهار جایگاه دارای نقش اساسی در تنوع ترکیب بدنی و اندازه اسب‌ها دارند که از جمله می‌توان به جایگاه ژنی ZFAT

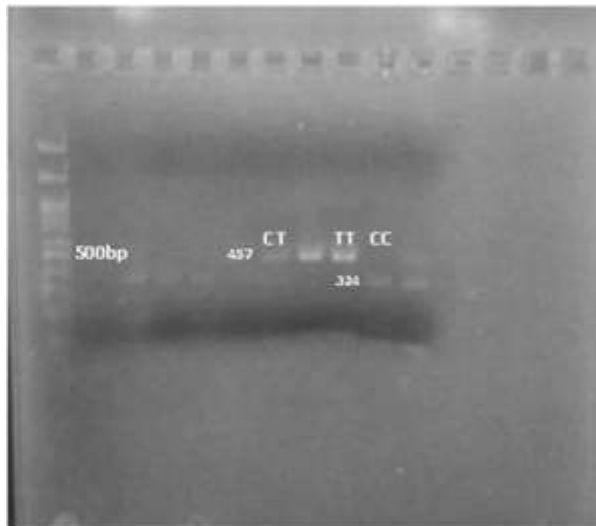
رویه خطی GLM نرم افزار SAS انجام شد. مقایسه میانگین‌ها به روش آزمون توکی-کرامر در سطح ۵ درصد انجام گرفت. مدل آماری مورد استفاده در این بررسی به شرح زیر بوده است:

$$Y_{ijkl} = \mu + G_i + S_j + A_k + e_{ijkl}$$

در این مدل هر کدام از مشاهدات، μ میانگین کل، G_i اثر ژنوتیپ، S_j اثر جنس، A_k اثر سن و e_{ijkl} اثر تصادفی باقی مانده می‌باشند.

نتایج

نتایج اینترون ۹: پس از انجام PCR و واکنش هضم آنزیمی، نمونه‌ها روی ژل آگارز ۲ درصد و با نشانگر ۱۰۰ جفت بازی الکتروفورز شدند. براساس تعداد و اندازه قطعات هضمی ژنوتیپ در بین حیوانات تشخیص داده شد. اولین الگو شامل یک قطعه ۴۵۷ جفت بازی بود که به صورت TT نشان داده شد و به دلیل عدم هضم آنزیمی محصول PCR می‌باشد. الگوی دوم شامل ۲ باند ۳۲۴ و ۱۴۴ جفت بازی بود که به صورت CT نشان داده شد. ژنوتیپ CC نیز شامل باند ۳۲۴ جفت بازی بود. در این ناحیه ژنی سه ژنوتیپ CT، TT و CC به ترتیب با فراوانی‌های ۰/۸۱، ۰/۱۱ و ۰/۰۸ مشاهده شدند. هم‌چنین محاسبات نشان داد فراوانی آللی T و C به ترتیب ۰/۸۶ و ۰/۱۴ می‌باشد.



شکل ۱: نتایج هضم آنزیمی ناحیه اینترون ۹ ژن ZFAT

نتایج اگزون ۱۳: برای تعیین چندشکلی اگزون ۱۳ ژن ZFAT در محصولات PCR از روش PCR-SSCP استفاده شد. نتایج حاصل از الکتروفورز عمودی محصولات SSCP سه الگوی مختلف باندهای را روی ژل پلی اکریل آمید نشان داد که این بیانگر وجود چندشکلی و تنوع ژنتیکی در جایگاه اگزون ۱۳ ژن ZFAT در اسب‌های دوخون بود. در

زنجیره‌ای پلی مرز مورد استفاده قرار گرفت. در این تحقیق، از پرایمرهای ساخت شرکت سیناکلون (تهران) استفاده شد. حجم واکنش جهت PCR ۱۵ میکرولیتر بود که شامل ۷/۵ میکرولیتر مسترمیکس (شرکت پیشگام، تهران)، ۱ میکرولیتر پرایمر پیشرو و ۱ میکرولیتر پرایمر برگشتی، ۲/۵ میکرولیتر آب استریل و ۳ میکرولیتر DNA بود. پس از استخراج DNA و انجام واکنش PCR، برای تعیین چندشکلی ژن هاضم آنزیمی محصولات PCR در ناحیه اینترونی از تکنیک PCR-RFLP با استفاده از آنزیم هضمی TaqI انجام شد. برای بررسی ناحیه اگزون ۱۳ تکنیک PCR-SSCP مورد استفاده قرار گرفت. برای این منظور، ۳ میکرولیتر از هر یک محصولات PCR به همراه ۱۳ میکرولیتر بافر دناتوره کننده مخلوط گردید و تحت دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه قرار گرفت (۶).

توالی پرایمرها و برنامه حرارتی مورد استفاده به ترتیب در جداول ۱ و ۲ نشان داده شده است.

جدول ۱: توالی آغازگرهای مورد استفاده در مطالعه نواحی اینترون و

اگزونی ژن ZFAT اسب‌های دوخون (۱۱)

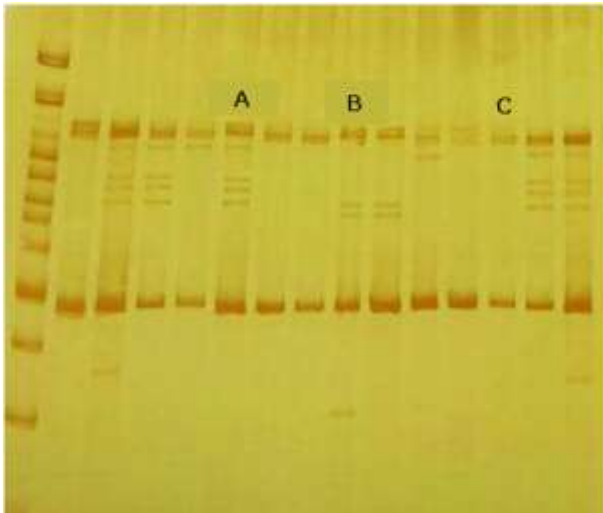
ناحیه مورد مطالعه	آغازگر	توالی آغازگر 5' → 3'	طول ناحیه تکثیر شده (bp)
اگزون ۱۳	رفت	TTGCAAAGCATTGCTCATGT	۴۷۶
	برگشت	GAGCTGGCACCCTGTCATA	
اینترون ۹	رفت	TGACCCAAAGGCTGAAAAGG	۴۵۷
	برگشت	TCTCCAGTCTTAGGGCTTCC	

جدول ۲: برنامه دمایی مورد استفاده جهت PCR اینترون ۹ و

اگزون ۱۳ ژن ZFAT اسب‌های دوخون (۱۱)

مرحله	اگزون ۱۳		اینترون ۹	
	دما (سانتی‌گراد)	زمان	دما (سانتی‌گراد)	زمان
واشرشت‌سازی اولیه	۹۵	۵ دقیقه	۹۵	۵ دقیقه
واشرشت‌سازی ثانویه	۹۵	۱ دقیقه	۹۵	۳۰ ثانیه
اتصال آغازگرها	۶۳	۳۰ ثانیه	۶۳	۳۰ ثانیه
سنتر	۷۲	۳۰ ثانیه	۷۲	۳۰ ثانیه
سنتر نهایی	۷۲	۵ دقیقه	۷۲	۵ دقیقه

بعدها انجام آزمایشات، با کمک نرم‌افزار POPGENE فراوانی‌های ژنوتیپی و آللی در جایگاه ZFAT در این اسب مطالعه شد (۱۳). پس از تشخیص ژنوتیپ‌ها، تجزیه آماری به منظور بررسی ارتباط ژنوتیپ‌های مذکور با صفات بیومتری اندازه‌گیری شده انجام شد. تجزیه آماری با



شکل ۲: نتایج الکتروفورز PCR-SSCP اگزون ۱۳ ژن ZFAT با ژل ۹ درصد پلی اکریل آمید

این تحقیق، مشخص شد در حیوانات مورد مطالعه فراوانی الگوی بانندی A، B و C به ترتیب ۰/۵۳، ۰/۴۰ و ۰/۰۷ بوده است.

ارتباط صفات مورد مطالعه با چندشکلی نواحی ژنی مورد

مطالعه: در جدول ۳ میانگین حداقل مربعات صفات در اسب‌های مورد مطالعه ارائه شده است. در جدول ۴ نیز نتیجه مقایسه میانگین حداقل مربعات صفات در اسب‌های مورد مطالعه در هر یک از انواع ژنوتیپ‌ها در نواحی مختلف ارائه شده است. لازم به ذکر است براساس نتایج حاصله اثرات سن و جنس بر صفات مورد بررسی معنی‌دار نبوده که به ترتیب در جداول ۵ و ۶ نشان داده شده‌اند.

جدول ۳: میانگین حداقل مربعات صفات در اسب‌های مورد مطالعه در اسب‌های دوخون

صفت (سانتی‌متر)	تعداد حیوان	میانگین	کم‌ترین	بیش‌ترین	انحراف معیار	ضریب تغییرات %
ارتفاع از جدوگاه	۱۰۰	۱۵۸/۸۱	۱۴۵	۱۷۰	۴/۳۴	۲/۷۳
ارتفاع از دم	۱۰۰	۱۵۱/۳۹	۱۵۴	۱۶۳	۱۰/۵۱	۶/۹۸
ارتفاع از کیل	۱۰۰	۱۵۹	۱۴۷	۱۷۰	۴/۱۷	۲/۶۶
ارتفاع از پشت	۱۰۰	۱۴۹/۰۵	۱۰۵	۱۶۰	۶/۵۰	۴/۳۷

جدول ۴: مقایسه میانگین حداقل مربعات صفات در اسب‌های مورد مطالعه در نواحی ژنی مورد مطالعه

ناحیه ژنی	ارتفاع از پشت	ارتفاع از کیل	ارتفاع از دم	ارتفاع از جدوگاه
اگزون ۱۳ (الگوی ژنی)				
A	۱۶۰/۳۲±۱/۶۳	۱۵۵/۳۷±۴/۰۵	۱۵۹/۷۲±۱/۶۲	۱۵۲/۰۶±۲/۵۰
B	۱۵۸/۷۸±۰/۶۸	۱۵۲/۳۳±۱/۶۸	۱۵۹/۰۱±۰/۶۷	۱۴۸/۸۳±۱/۳۴
C	۱۵۸/۲۹±۰/۶۳	۱۵۰/۴۸±۱/۵۶	۱۵۸/۸۲±۱/۶۲	۱۴۸/۶۲±۰/۹۵
اینترون ۹ (ژنوتیپ)				
TT	۱۵۷/۷۲±۱/۲۹	۱۴۴/۱۳±۳/۱۲	۱۵۹/۲۶±۱/۲۸	۱۴۸/۹۲±۱/۹۹
TC	۱۵۸/۸۵±۰/۴۹	۱۵۲/۴۹±۱/۱۹	۱۵۸/۹۰±۰/۴۹	۱۴۹/۰۱±۰/۷۶
CC	۱۵۷/۴۴±۱/۷۸	۱۵۱/۹۹±۴/۳۰	۱۵۹/۳۳±۱/۷۷	۱۴۸/۱۵±۲/۷۴

* با توجه به این که اختلاف میانگین صفات مورد نظر در هیچ موردی معنی‌دار نبوده حروف الفبای لاتین برای نمایش نتیجه مقایسات استفاده نشد.

جدول ۵: مقایسه اثرات سن بر میانگین حداقل مربعات صفات در اسب‌های مورد مطالعه

سن (سال)	ارتفاع از جدوگاه (سانتی‌متر)	ارتفاع از دم (سانتی‌متر)	ارتفاع از کیل (سانتی‌متر)	ارتفاع از پشت (سانتی‌متر)
۲	۱۶۰/۳۲±۸/۲۵	۱۵۴/۰۳±۲/۰۵	۱۵۹/۵۹±۰/۸۲	۱۴۹/۷۱±۱/۲۶
۳	۱۵۹/۴۳±۰/۸۱	۱۵۱/۰۷±۲/۰۰	۱۵۹/۴۸±۰/۸۰	۱۵۱/۱۳±۱/۲۳
۴	۱۵۷/۶۵±۰/۰۳	۱۵۳/۰۴±۲/۵۵	۱۵۸/۴۵±۱/۰۲	۱۴۸/۶۷±۱/۵۷

* با توجه به این که اختلاف میانگین صفات مورد نظر در سنین مختلف معنی‌دار نبوده حروف الفبای لاتین برای نمایش نتیجه مقایسات استفاده نشد.

جدول ۶: مقایسه اثرات جنس بر میانگین حداقل مربعات صفات در اسب‌های مورد مطالعه

جنس	ارتفاع از جدوگاه (سانتی‌متر)	ارتفاع از دم (سانتی‌متر)	ارتفاع از کیل (سانتی‌متر)	ارتفاع از پشت (سانتی‌متر)
ماده	۱۵۸/۷۶±۰/۷۲	۱۵۱/۷۸±۱/۷۹	۱۵۸/۸۵±۰/۷۲	۱۴۹/۶۵±۱/۱۰
نر	۱۵۹/۴۸±۰/۸۳	۱۵۳/۶۷±۲/۰۶	۱۵۹/۵۲±۰/۸۳	۱۵۰/۰۲±۱/۲۷

* با توجه به این‌که اختلاف میانگین صفات مورد نظر در دو جنس معنی‌دار نبوده حروف الفبای لاتین برای نمایش نتیجه مقایسات استفاده نشد.

بحث

نمونه‌های مورد مطالعه را بتوان به‌عنوان یکی از دلایل حصول این نتیجه دانست. با توجه به اهمیت این ژن پیشنهاد می‌گردد در هر برنامه و فعالیت اصلاح‌نژادی که در اسب‌های سرعتی صورت می‌گیرد نقش این ژن در تغییرات صفات مورد مطالعه قرار بگیرد. علاوه بر این با توجه به اقبال عمومی و توسعه روزافزون صنعت پرورش اسب‌های سرعتی لازم است تاثیر سایر ژن‌های شناخته شده در این مورد نیز مورد بررسی قرار گیرد.

منابع

1. **Ebrahimipour, M. and Rezajnejad, Y., 2005.** Horse Breeding, Isfahan University of Technology Publications. (In Persian)
2. **Jadhaj, M., Yousefi Siahkalroodi, S. and Zare Karizi, S., 2020.** Study on MSTN Gene Polymorphism in Iranian Arab Horses. Journal of Animal Environment. 12(4): 49-56. (In Persian)
3. **Qarehbash, A.M., 2015.** The role of horse breeding in the development of tourism and job creation in Golestan province, Proceedings of the Second National Conference on Macroeconomics. Iran, Gonbad Kavos University. 1-5. (In Persian)
4. **Golshan, A. and Rajabi, S., 2005.** Introducing the Turkmen horse in Iran. Pajvak Keyvan Publications. (In Persian)
5. **Fernandes, T.J., Souza, F.A., Ribeiro, R.A., Cunha, F.O., Meirelles, S.L., Moura, R.S. and Muniz, J.A., 2020.** Growth curve for height at withers and body length of Mangalarga Marchador horses. Ciência Rural. 50(12): 1-8.
6. **Huang, H.L., Huang, I.Y., Lin, C.Y. and Huang, M.C., 2013.** Effective strategies for identifying novel genetic markers based on DNA polymorphisms. Journal of Molecular Biomarkers & Diagnosis. 5(1): 1000156.
7. **Lango Allen, H., Estrada, K., Lettre, G., Berndt, S.I., Weedon, M.N., Rivadeneira, F., Willer, C.J., Jackson, A.U., Vedantam, S., Raychaudhuri, S. and Ferreira, T., 2010.** Hundreds of variants clustered in genomic loci and biological pathways affect human height. Nature. 467(7317): 832-938.
8. **Makvandi-Nejad, S., Hoffman, G.E., Allen, J.J., Chu, E., Gu, E., Chandler, A.M., Loreda, A.I., Bellone, R.R., Mezey, J.G., Brooks, S.A. and Sutter, N.B., 2012.** Four

مطالعه حاضر نشان داد که ژن ZFAT در اسب‌های دوخون در دو ناحیه مورد مطالعه با توجه به نتایج هضم آنزیمی و تکنیک PCR-SSCP دارای چندشکلی می‌باشد. در دو پژوهش جداگانه وجود چندشکلی در این نواحی ژن ZFAT اسب‌های مورد مطالعه گزارش شده بود که با نتایج این تحقیق مطابقت داشت (۱۰، ۱۱). علی‌رغم مشاهده چندشکلی قابل توجه در دو ناحیه ژن، در بررسی حاضر ارتباط هیچ‌یک از صفات مورد مطالعه شامل ارتفاع از پشت، کیل، دم و جدوگاه حیوانات با چندشکلی نواحی ژنی ذکر شده معنی‌دار تشخیص داده نشدند (جدول ۴). لازم به ذکر است براساس نتایج حاصله (جدول ۵ و ۶) اثرات سنین مختلف و دو جنس نیز بر میانگین صفات معنی‌دار تشخیص داده نشدند. البته در برخی گزارشات اختلافاتی در دو جنس به‌ویژه در ارتفاع جدوگاه ذکر شده است (۵). نکته قابل ذکر این‌که براساس گزارشاتی، حدود ۸۳ درصد تغییرات در اندازه بدن اسب با ژن ZFAT مرتبط است و بر ارتفاع بدن اسب هم تاثیرگذار است (۸، ۱۳) که این موارد با نتیجه این تحقیق هم‌خوانی ندارد. حتی یافته‌ها نشان داده این ژن با ژن ZFAT انسانی مشابه است که بر ارتفاع بدن تاثیر می‌گذارد (۷). در برخی تحقیقات دیگر که تاثیر جایگاه‌های موثر بر ارتفاع جدوگاه و سایر رکوردهای فنوتیپی اسب‌های نژاد فرانچس مونتازر بررسی می‌شد محققان نتیجه گرفته بودند دو جایگاه ژنی شامل ژن LCORL روی کروموزوم ۳ و ژن ZFAT روی کروموزوم ۹ به‌طور قابل توجهی با رکوردهای فنوتیپی علی‌الخصوص با ارتفاع جدوگاه ارتباط دارند (۱۰). با استناد به نتایج تحقیقات فوق از یافته‌های تحقیق حاضر نیز انتظار می‌رفت با توجه به تاثیرگذاری قابل توجه این جایگاه در ایجاد تغییرات اندازه بدنی حداقل اختلاف برخی صفات مورد مطالعه در گروه‌های ژنوتیپی معنی‌دار به‌دست می‌آمد. البته به‌دلیل این‌که مطالعات این ژن در نژادهای اسب بسیار محدود و انگشت‌شمار بوده امکان مقایسه و ارزیابی دقیق‌تر با نتایج تحقیق حاضر وجود نداشت. در کل می‌توان نتیجه‌گیری نمود معنی‌دار نبودن تاثیر چندشکلی این جایگاه در صفات حیوانات در این مورد مطالعه تاییدی بر این موضوع نبوده و با توجه به گزارشات ذکر شده در فوق مبنی بر نقش قابل توجه آن در ارتفاع بدن ممکن است تعداد

- loci explain 83% of size variation in the horse. PLoS One. 7(7): e39929.
9. Metzger, J., Schrimpf, R., Philipp, U. and Distl, O., 2013. Expression levels of LCORL are associated with body size in horses. PloS one. 8(2): e56497.
 10. Signer-Hasler, H., Flury, C., Haase, B., Burger, D., Simianer, H., Leeb, T. and Rieder, S., 2012. A genome wide association study reveals loci influencing height and other conformation traits in horses. PloS one. 7(5): e37282.
 11. Staiger, E.A., Al Abri, M.A., Pflug, K.M., Kalla, S.E., Ainsworth, D.M., Miller, D., Raudsepp, T. and Sutter, N.B., 2016. Brooks SA. Skeletal variation in Tennessee Walking Horses maps to the LCORL/NCAPG gene region. Physiological genomics. 48(5): 325-335.
 12. Takeuchi, F., Nabika, T., Isono, M., Katsuya, T., Sugiyama, T., Yamaguchi, S., Kobayashi, S., Yamori, Y., Ogihara, T. and Kato, N., 2009. Evaluation of genetic loci influencing adult height in the Japanese population. Journal of human genetics. 54(12): 749-752.
 13. Tsunoda, T., Takashima, Y., Tanaka, Y., Fujimoto, T., Doi, K., Hirose, Y., Koyanagi, M., Yoshida, Y., Okamura, T., Kuroki, M. and Sasazuki, T., 2010. Immune-related zinc finger gene ZFAT is an essential transcriptional regulator for hematopoietic differentiation in blood islands. Proceedings of the National Academy of Sciences. 107(32): 14199-14204.
 14. Yeh, F.C., Yang, R.C., Boyle, T. and Mao, J.X., 1999. PopGene: Microsoft Window-based freeware for population genetic analysis, version 1.31. University of Alberta: Edmonton, Canada.