مهندسی ژنتیک و ایمنی زیستی
دوره پنجم، شماره اول، بهار و تابستان ۱۳۹۵
صفحه ۶۶-۶۱

بررسی ارتباط چندشکلی ژن کاپاکازئین با میزان تولید و ترکیبات شیر در شترهای استان گلستان

رقیه طعنه گنبدی*[۱]، مجتبی آهنی آذری[۲]، سعید زره‌داران[۳]،
علیرضا خان‌احمدی[۴] و عبدالحکیم توغدری[۵]

Study of kappa-casein gene polymorphism association with milk production and composition in Golestan province camels

Tane Gonbadi R.*[1], Ahani Azari M.[2], Zerehdaran S.[3], Khan Ahmadi AR.[4] and Toghdory A.[5]

[۱]دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، [۲]دانشیار و [۵]استادیار دانشکده علوم دامی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، [۳]استاد گروه علوم دامی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد، [۴]گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبدکاووس، ایران

[1]M.Sc. Graduated, [2]Associate Prof., [5]Assistant Prof., Dept. of Animal Sciences, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources,

[3]Professor, Dept. of Animal Sciences, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad,

[4]Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture, Gonbad-kavous University, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: tanegonbadyroghaye@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۴/۹/۱۵- تاریخ پذیرش: ۹۵/۹/۶)

چکیده

این تحقیق با هدف تعیین چندشکلی ژن کاپاکازئین و ارتباط آن با بعضی از صفات شیر در جمعیت شترهای استان گلستان انجام گرفت. برای این کار ۱۰۰ نمونه خون از شترهای تک کوهانه بندر ترکمن، آق قلا و گنبد جمع آوری شد. DNA به روش نمکی بهینه شده استخراج و سپس با استفاده از یک جفت آغازگر اختصاصی، قطعه‌ای با طول۴۸۸ جفت باز تکثیر شد. به منظور تعیین ژنوتیپ‌های مختلف، روش PCR-RFLP بااستفاده از آنزیم برشی ALU1 بکار گرفته شد. برای بررسی ارتباط چند شکلی این ژن با صفات عملکردی شامل تولید و ترکیبات شیر (چربی، پروتئین، لاکتوز و مواد جامد بدون چربی شیر) از رویه GLM نرم افزار SAS استفاده شد. سه الگوی ژنوتیپی AA، AB و BB به ترتیب با فراوانی ۰/۱۸، ۰/۲۷ و ۰/۵۵ در این جمعیت مشاهده شد. اثر چندشکلی این ژن روی میزان تولید و هیچ یک از ترکیبات شیر معنی‌دار نبود. براساس نتایج این تحقیق انتخاب براساس چند شکلی ژن کاپاکازئین نمی‌تواند در بهبود ژنتیکی صفات تولید و ترکیبات شیر در شتر های نژاد ترکمن مؤثر باشد.

واژه‌های کلیدی

چندشکلی
ژن کاپاکازئین
شتر
تولید شیر

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-09-05]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1395.5.1.2.7]

مقدمه

با توسعه و رشد علم ژنتیک مولکولی در سال‌های اخیر امکان بررسی دقیق ساختار ژنتیکی دام‌های اهلی در برنامه‌ریزی فعالیت-های اصلاح نژادی بسیار گسترش یافته است. شتر از جمله دام-هایی است که کمتر در این بررسی‌ها مورد مطالعه قرار گرفته است. یکی از اهداف ژنتیک مولکولی، بررسی چندشکلی‌های موجود در ژن‌های مرتبط با صفات تولیدی مهم می‌باشد.

کل جمعیت شتر در سراسر جهان ۲۴/۱ میلیون نفر تخمین زده می‌شود (Fao, 2015) تولید شیر شتر سالانه بطور مداوم در حال افزایش است، همچنین بزرگترین جمعیت شتر شیری در سراسر جهان در کشورهای شمال شرق آفریقا ازجمله سومالی، اتیوپی و سودان است (Fao, 2015). همچنین افزایش تقاضای بازار برای محصولات متنوع از جمله شیر شتر وجود دارد. شیر شتر در سطح جهانی بیشتر بعنوان غذایی سالم به رسمیت شناخته شده است (Nikkah, 2011a). علاوه بر این در سال‌های اخیر علاقه به افزایش مصرف شیر غیر گاوی بعنوان پروتئین جایگزین برای انسان وجود داشته است (Hinz et al, 2012). ترکیب شیمیایی شیر شتر در کشورهای مختلف مورد مطالعه قرار گرفته است (Al Alhaj and Al Kanhal, 2010). براساس آمار منتشر شده توسط خواربار جهانی، از جمعیت ۲۴۶۶۴۲۲۸ نفری شتر در جهان تنها ۱۶۲۰۰۰ نفر به ایران اختصاص دارد (Fao, 2015). میزان پروتئین شیر در این حیوان حدود ۲/۴ تا ۵/۳ درصد است Nikkah, 2011b; Konuspayeva, 2009) و به انواع کازئین‌ها و پروتئین-های آب پنیر تقسیم می‌شود (Kappeler et al, 2003). کازئین‌ها ۵۲ تا ۸۹ درصد شیر شتر را تشکیل می‌دهند (Al haj and Al Kanhal, 2010) که شامل چهار بخش آلفاکازئین۱، آلفاکازئین۲، بتاکازئین و کاپاکازئین می‌باشد (Ochirkhuyag et al, 1997; El Agamy, 2006). در شتر تنوع ژنتیکی برای پروتئین αs1 مشاهده شده است (Kappeler et al, 1998). در میان کازئین‌ها، کاپاکازئین نقش ضروری در ثبات میسل کازئین را بر عهده دارد (Alexander et al, 1988). کاپاکازئین از لحاظ اندازه از بقیه کازئین‌ها کوچکتر بوده اما مهم‌ترین نقش را در ثبات میسل‌ها بر عهده دارد. پروتئین کاپاکازئین نقش محافظتی میسل‌های کازئین را در شیر برعهده دارد. همچنین در کیفیت پنیر تولید شده و سرعت دلمه بستن و راندمان تبدیل شیر به پنیر اهمیت به سزایی دارد (Fox, 1992)

تجزیه و تحلیل کمی انجام شده بر روی پروتئین‌های شیر شتر نشان داده است مقادیر کاپاکازئین شتر نسبت به کاپا کازئین گاو پایین‌تر است (Kappeler et al, 2003) و اخیرا پنج شکل مختلف از کاپاکازئین در شیر شتر پیدا شده است که منجر به گلیکوزیله شدن قوی پروتئین می‌شود (Hinz et al, 2012). با توجه به مطالعات اندک انجام شده بر روی شیر شتر در ایران، این مطالعه به منظور ارزیابی ارتباط چندشکلی این ژن کاپاکازئین با ترکیبات شیر در شترهای استان گلستان انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق از صد نفر از شترهای آق‌قلا، بندرترکمن و گنبد خون‌گیری به عمل آمد. نمونه‌های خون از ورید وداج گرفته شد و در لوله‌های حاوی EDTA 0.5 مولار جمع‌آوری و در دمای -20^0C ذخیره شد. DNA به روش نمکی بهینه شده استخراج گردید (Miller et al, 1988). برای نمونه‌برداری از شیر از نمونه-های شیر دوشیده شده دستی استفاده شد. برای تعیین ترکیبات شیر از قبیل پروتئین، چربی، لاکتوز و کل مواد جامد شیر از دستگاه اکومیلک استفاده گردید. به منظور تعیین کمیت و کیفیت DNA استخراجی غلظت ژل آگارز برای الکتروفورز DNA استخراجی 0.8 درصد بوده و DNA استخراجی بدون شکستگی و آلودگی مشاهده شد. پس از مرحله استخراج، DNA با استفاده از یک جفت آغازگر با توالی

F: 5´CACAAAGATGACTCTGCTATCG 3´

R: 5´GCCCTCCACATATGTCTG 3'

(Paucillo et al. 2013)، تکثیر گردید و قطعه‌ای ۴۸۸ جفت بازی از جفت باز ۱۳۷- تا جفت باز ۳۵۱ از طرف انتهای 5´ ژن کاپا-کازئین تکثیر شد. برنامه حرارتی استفاده شده برای تکثیر نواحی موردنظر در ژن کاپاکازئین، شامل دمای واسرشته سازی اولیه ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه، دمای واسرشته سازی ثانویه ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۰ ثانیه، دمای اتصال ۵۰ درجه

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-09-05]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1395.5.1.2.7]

سانتی‌گراد به مدت ۲۰ ثانیه، دمای تکثیر ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۰ ثانیه و دمای تکثیر نهایی ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه بود. اندازه قطعه تکثیر شده با استفاده از ژل آگارز 1.5 درصد مشخص شد.

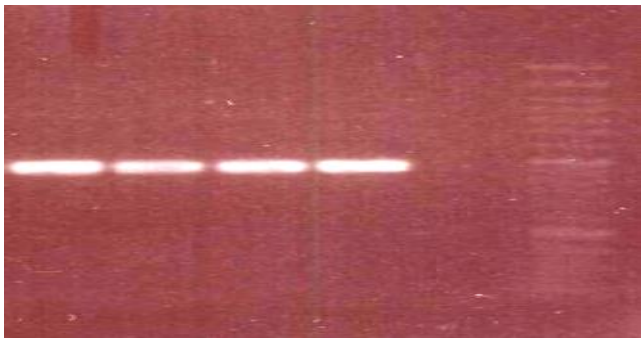
روش PCR-RFLP : آنزیم برشی برای هضم محصولات PCR، ALU1 با جایگاه برشی ´3 AGCT ´5 مورد استفاده قرار گرفت. پروتکل هضم آنزیمی شامل استفاده از ۱ واحد آنزیم (0.1 میکرولیتر) برای هر نمونه از محصولات PCR، ۲ میکرولیتر بافر ۱۰x، 2.9 میکرولیتر آب مقطر و ۵ میکرولیتر از محصولات PCR برای هر واکنش آنزیمی در نظر گرفته شد. سپس تمامی نمونه‌های حاوی آنزیم به مدت ۱۲ ساعت در دمای ۳۷° C نگهداری شدند و پس از اتمام زمان هضم آنزیمی برای بررسی قطعات برشی از ژل آگارز 3.5 درصد استفاده شد.

برای تعیین فراوانی ژنی و ژنوتیپی از روی تعداد ژنوتیپ‌های بدست آمده در جمعیت مورد بررسی فایل اطلاعات ژنوتیپ‌های مشاهده شده در نرم‌افزار POPGENE 1.31 (Yeh et al, 1997) فراخوانده شده و پس از تعاریف اولیه در این نرم‌افزار شامل دیپلوئید بودن موجود، تعداد جایگاه، جمعیت‌ها، تعداد ژنوتیپ-های مشاهده شده و نامگذاری آنها، محاسبات در این نرم‌افزار انجام گردید. مطالعه برقراری تعادل هاردی واینبرگ درجایگاه مورد مطالعه در این تحقیق نیز با استفاده از نرم‌افزار POPGENE و با آزمون کای‌مربع انجام شد. پس از تشخیص ژنوتیپ‌های مربوط به ژن کاپاکازئین، تجزیه آماری به منظور بررسی ارتباط ژنوتیپ‌های مذکور با صفات عملکردی انجام گردید. تجزیه آماری کلیه داده‌های این تحقیق با رویه مدل‌های خطی عمومی نرم‌افزار SAS 9.1 انجام شد. برای بررسی ارتباط ژنوتیپ‌ها با صفات عملکردی از رابطه ۱ استفاده شد. رابطه ۱ :

$Y_{ijk}=\mu+G_i+A_j+DIM_k+e_{ijk}$ در این مدل : μ: صفت کل، G_i : اثرژنوتیپ‌های مربوط به ژن مورد بررسی؛ A_j : اثر ثابت سن، DIM_k: تعداد روزهای شیردهی(اختلاف بین روز زایش و روز رکوردگیری)، e_{ijk} : اثر باقیمانده. برای مقایسه میانگین‌های حداقل مربعات صفات عملکردی در ژنوتیپ‌های مختلف از روش توکی استفاده شد.

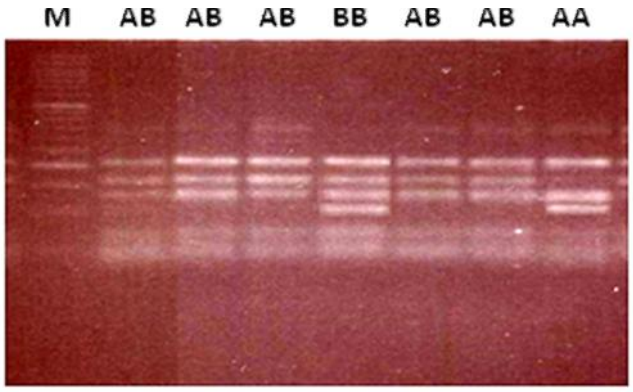
نتایج و بحث

این تحقیق با هدف تعیین چندشکلی ژن کاپاکازئین و ارتباط آن با بعضی از صفات شیر در جمعیت شترهای استان گلستان انجام گرفت. به منظور تعیین ژنوتیپ‌های مختلف، روش PCR-RFLP بااستفاده از آنزیم برشیALU1 بکار گرفته شد. برای بررسی ارتباط چند شکلی این ژن با صفات عملکردی شامل تولید و ترکیبات شیر (چربی، پروتئین، لاکتوز و مواد جامد بدون چربی شیر) از رویه GLM نرم‌افزار SAS استفاده شد.



شکل ۱- محصولات PCR (قطعات ۴۸۸ جفت بازی) تکثیر شده برای ژن کاپاکازئین روی DNA استخراج شده از شترها بر روی ژل آگارز ۱/۵ درصد

Figure 1- PCR products (488 bp) of kappa-casein gene.



شکل ۲- هضم آنزیمی قطعه ۴۸۸ جفت بازی با آنزیم ALU1 بر روی ژل آگارز 3.5 درصد

Figure 2- Digested products of 488 bp fragments by ALU1 enzyme on 3.5 percent agarose gel

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-09-05]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1395.5.1.2.7]

جدول ۱- فراوانی و تعداد ژنوتیپ‌ها و نتایج تعادل هاردی واینبرگ در شترهای استان گلستان

Table 1- Number and frequency of genotypes and Hardy-Weinberg equation results in Golestan Province Camels

ژنوتیپ	فراوانی ژنوتیپی	تعداد مشاهده شده	تعداد مورد انتظار	آماره χ^2	فراوانی آللی
AA	0.18	18	9.81	0.0073	0.31 (A)
AB	0.27	27	43.37	0.0606	0.69 (B)
BB	0.55	55	46.82	0.1472	
جمع	1	100	100	0.2151*	

*معنی‌دار در سطح احتمال 5 درصد ($p< 0.05$)

جدول ۲- مقایسه میانگین‌های حداقل مربعات مربوط به رکوردهای تولید و اجزای شیر (میانگین ± خطا) در ژنوتیپ‌های ژن کاپاکازئین

Table 2- Last square means of milk production and its composition (Mean±SE) in genotypes of kappa-casein

ژنوتیپ	تولید شیر (کیلوگرم)	چربی(درصد)	پروتئین(درصد)	لاکتوز(درصد)	SNF(درصد)
AA	9.69±0.72	4.44±0.46	3.14±0.21	4.26±0.16	7.17±0.44
AB	10.38±0.52	4.48±0.32	2.99±0.22	4.56±0.33	8.15±0.61
BB	9.27±0.33	4.15±0.24	2.93±0.12	4.28±0.16	7.52±0.12
سطح معنی داری	0.18	0.47	0.77	0.66	0.39

نتایج هضم با آنزیم برشی نشان داد که برای قطعات تکثیر شده (شکل ۱)، سه جایگاه برشی برای آنزیم *ALU1* وجود داشت و این آنزیم محصولات را به قطعات ۲۰۳، ۱۵۸ و ۱۲۷ و ۱۲۰ جفت باز برش داد (شکل ۲)، قطعات با طول ۱۲۰، ۱۲۷ و ۲۰۳ جفت باز آلل A و قطعات با طول ۲۰۳، ۱۵۸ و ۱۲۷ جفت باز، آلل B نامگذاری شده و قطعات با طول ۲۰۳ جفت باز و۱۵۸ جفت باز و ۱۲۷ جفت باز و ۱۲۰ جفت باز، ژنوتیپ AB نامگذاری شد. ژنوتیپ‌های بدست آمده به شرح جدول ۱ می‌باشد.

با توجه به شکل ۱ و ۲ الگوی باندی متفاوت AA، AB و BB در بین نمونه‌ها مشاهده شد که این تفاوت نشان‌دهنده وجود سه ژنوتیپ متفاوت در جمعیت مورد بررسی در این تحقیق بود. میزان هتروزایگوتی مشاهده شده در جمعیت مورد بررسی ۲۷٪ بود.

میزان کل χ^2 محاسبه شده برابر با 0.2151 بود که نشانگر تفاوت معنی دار (در سطح احتمال 0.05) جمعیت مورد بررسی از تعادل هاردی-واینبرگ می‌باشد (جدول ۱). این عدم تعادل، تلاقی‌های غیر تصادفی بر فراوانی ژنی و ژنوتیپی ژن کاپاکازئین را در جمعیت شترهای استان گلستان نشان می‌دهد. میزان هتروزایگوتی مشاهده شده در جمعیت مورد بررسی ۲۷٪ بود که نشاندهنده تنوع ژنتیکی نسبتا کم در این جمعیت برای این ژن می‌باشد. میزان هتروزایگوتی مورد انتظار در این جمعیت، 43.37٪ محاسبه شد. کم بودن میزان هتروزیگوتی مشاهده شده در جمعیت موردنظر می‌تواند ناشی از تلاقی‌های جورشده مثبت در جمعیت مورد بررسی باشد. برای مقایسه میانگین‌های حداقل مربعات صفات عملکردی در ژنوتیپ‌های مختلف از روش توکی استفاده شد.

علی‌رغم نقش کلیدی ژن کاپا کازئین در ساختار میسل‌ها و تولید پنیر و با توجه به اهمیتی که در کنترل رونویسی ژن‌های هورمون رشد و پرولاکتین دارد ارتباط این ژن با صفات تولیدی چندان مورد مطالعه قرار نگرفته است. نتایج مربوط به چندشکلی ژن کاپاکازئین در این تحقیق با نتایج مطالعات صورت گرفته توسط (Barracosa, 1996) و (Ceriotti et al, 2004) در بررسی سه نژاد گوسفند ایتالیایی که هرکدام یک الگوی دو باندی را در اگزون ۴

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-09-05]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1395.5.1.2.7]

کاپاکازئین مشاهده کرده‌اند مطابقت ندارد. علاوه براین محققین دیگری توسط دیگر روش‌های مولکولی بررسی‌های مختلفی نیز انجام داده‌اند (Staiger et al, 2010). دوآلل C و T را به ترتیب با فراوانی0.51 و 0.49 برآورد کردند، اما هیچ ارتباط معنی‌داری را بین چندشکلی ژن کاپاکازئین با تولید شیر در گوسفندان فریزین شرقی پیدا نکردند.

براساس نتایج تحقیق حاضر اثر چندشکلی این ژن روی تولید و هیچ یک از ترکیبات شیر (چربی، پروتئین، لاکتوز و مواد جامد بدون چربی شیر) معنی‌دار نبود. بنابراین انتخاب براساس چند شکلی ژن کاپاکازئین نمی تواند در بهبود ژنتیکی صفات تولید و ترکیبات شیر در شترهای استان گلستان مؤثر باشد. در شتر به دلیل مشکلاتی که در جمع‌آوری اطلاعات شجره و رکوردهای فنوتیپی وجود دارد بررسی ارتباط بین ژن‌های کاندید و صفات تولید شیر و همچنین بهبود پیشرفت ژنتیکی مربوط به این صفات با محدودیت‌هایی همراه است. در این تحقیق تلاش شده است تا اطلاعات جدیدی را در این راستا و زمینه لازم را برای مطالعات هرچه بیشتر بر روی شتر فراهم گردد. در بررسی حاضر به دلیل اینکه بر روی ژن کاپاکازئین به روش PCR-RFLP و بررسی آنها با صفات تولید شیر مطالعات کمتری صورت گرفته و یا بررسی چندشکلی این ژن‌ها توسط سایر روش‌های مولکولی انجام گرفته است، امکان مقایسه آنها با نتایج حاصل از این تحقیق به اندازه کافی وجود نداشته است. همچنین در بررسی حاضر عوامل مختلفی مانند نوع نژاد، اندازه جمعیت، حجم نمونه برداری، شرایط محیطی، همخونی، نحوه توزیع فراوانی‌های ژنی و... می‌تواند باعث ایجاد تناقض بین نتایج بدست آمده و بررسی‌های انجام شده باشد.

تشکر و قدردانی

بدینوسیله از حوزه معاونت پژوهشی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان بخاطر اینکه عمده هزینه‌های این پایان نامه را تامین نموده‌اند کمال تشکر را داریم و همچنین از خانم مامی زاده بخاطر مساعدت‌هایی که در انجام این تحقیق داشتند سپاسگزاری می‌شود.

منابع

Al haj OA and Al Kanhal H A. 2010. Compositional, technological and nutritional aspects of dromedary camel milk. International Dairy Journal, 20: 811-821.

Alexander LJ, Stewart AF, Mackinlay AG, Kapelinskaya TV, Tkach TM, Gorodetsky SI. 1988. Isolation and characterization of the bovine kappa-casein gene. Eur. J. Biochem.178: 395–401.

Barracosa H. 1996. Estudo de polimorfismos genéticos eda sua associação com capacidades de pro d u ç ã o leiteira em caprinos de raça Algarvia e ovinos deraça Serra da Estrela. Dissertação de Mestrado, Univ. do Algarve, Faro.

Ceriotti G, Chessa S, Bolla P, Budelli E, Bianchi L, Duranti E and Caroli A. 2004. Single nucleotide polymorphisms in the ovine casein genes detected by polymerase chain reaction-single strand conformation polymorphism. Journal Dairy Science. 87: 2606–2613.

El Agamy EI. 2006. Camel milk. In Y.W. Park, & F.W. Haenlein (Eds.), Handbook of non-bovine mammals (pp. 297e344). Iowa, NJ, USA: Blackwell Publisher Professional.

FAO (2015). Food and agricultural commodities production FAO Statistic Division. Available on http://www.fao.org/.

Feligini M , Vlaco S, Cubric CurikV , Parma P, Greppi GF and Enne G. 2005. A single nucleotide polymorphism in the sheep k-casein coding region. International Dairy Journal, 72: 1–5.

Fox PF. 1992. Advanced dairy chemistry proteins. Elsevier. Applied. Science. publ. Londan.

Hinz K, O'Connor P M, Huppertz T, Ross P M and Kelly AL. 2012. Comparison of the principal proteins in bovine, caprine, buffalo, equine and camel milk. Journal of Dairy Research. 9: 185-191.

Kappeler S, Farah Z, Puhan Z. 1998. Sequence analysis of Camelus dromedarius milk caseins. Journal of Dairy Research. 65: 209–222.

Kappeler SR, Farah Z, Puhan Z. 2003. 5′-Flanking regions of camel milk genes are highly similar to homologue regions of other species and can be divided into two distinct groups. Journal Dairy Science. 86: 498–508.

Konuspayeva G, Faye B and Loiseau G. 2009. The composition of camel milk: a meta-analysis of the literature data. Journal of Food Composition and Analysis. 22: 95-101.

Mandal A, Kumar D, Rout PK, Yadav NK and Roy D. 2008. Genetic polymorphism of milk protein and its

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-09-05]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1395.5.1.2.7]

effects on milk composition treaits in Muzaffarnagari-sheep. Indian .Journal Animal Science.78 (10).

Miller SA, Dykes DD, Polesky HF. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Res. 16(3): 1215.

Nikkah A. 2011a. Equidae, camel, and yak milks as functional foods: a review. Journal of Food and Nutrition Sciences.1: 100-116.

Nikkah A. 2011b. Science of camel and yak milks: human nutrition and health perspectives. Food and Nutrition Sciences. 2: 667-673.

Ochirkhuyag B, Chobert JM, Dalgalarrondo M, Choiset Y and Haertlé T. 1997. Characterization of caseins from Mongolian yak, Khainak, and Bactrian camel.Lait, 77:601-613.

Paucillo A, Shuiep E, Cosenza G, Ramunno L and Erhardt G. 2013. Molecular characterization and genetic variability at k-casein gene (CSN3) in camels. Journal Animal Science. 513:22-30

Staiger EA, Thonney ML, Buchanan, JW, Rogers ER, Oltenacu -PA and Mateescu RG. 2010. Effect of prolactin, β-lactoglobulin, and κ-casein genotype on milk yield in East Friesian sheep Journal Dairy Science. 93: 1736-1742.

Yeh F C, Yang RC and Boyle T. 1999. Pop Gene Version 1.31. Microsoft Windows based freeware for population genetics analysis. Available on http://ftp.microsoft.com/Softlib/HPGL.EXE.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-09-05]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1395.5.1.2.7]

Genetic Engineering and Biosafety Journal
Vol5, Number1, Spring and summer 2016, Bi-seasonal

Study of kappa-casein gene polymorphism association with milk production and composition in Golestan province camels

Tane Gonbadi R.[*1], Ahani Azari M.[2], Zerehdaran S.[3], Khan Ahmadi AR.[4] and Toghdory A.[5]

[1]M.Sc. Graduated, [2]Associate Prof., [5]Assistant Prof.,
Dept. of Animal Sciences, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources,
[3]Professor, Dept. of Animal Sciences, Faculty of Agriculture, Ferdowsi University of Mashhad,
[4]Dept. of Animal Science, Faculty of Agriculture, Gonbad-kavous University, Iran

* Corresponding Author, Email: tanegonbadyroghaye@yahoo.com

ABSTRACT

This study was aimed to determine the kappa-casein gene polymorphism and its relationship with some milk traits in a population of camels in the Golestan province. Blood samples were collected from100 camel dromedaries in Bandar Turkman, AqQala and Gonbad cities. DNA was extracted using the optimized salt method and then a pair of specific primers was used to produce a 488 bp fragment. Genotypes were determined by PCR-RFLP method followed by treatment with ALU1 restriction enzyme. To investigate the association of Kappa casein gene polymorphism with milk production and composition (fat, protein, lactose and solids non-fat milk), the GLM procedure of SAS software was used. Three genotype patterns including AA, AB and BB were observed with the frequencies of 0.18, 0.27 and 0.55, respectively. The effect of kappa-casein gene polymorphism on milk production and composition was not significant. Based on current results, the analysis of kappa casein gene polymorphism cannot be used for improving milk yield and composition of camels in Turkman population.

Key Words

Kappa-casein gene, Polymorphism, Camel, Milk

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-09-05]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1395.5.1.2.7]