

بررسی تنوع ژن انترفرن گاما در گوسفندان توده شال ایران

غلامرضا نیکبخت بروجنی^{۱*} سید مهدی امام^۱ همایون محمود زاده^۲ ندا برجسته^۱

(۱) گروه میکرو بیولوژی دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران - ایران.

(۲) گروه بهداشت و تغذیه دام و طیور، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران، تهران - ایران.

(دریافت مقاله: ۱۵ اسفند ماه ۱۳۸۶، پذیرش نهایی: ۲۱ آذر ماه ۱۳۸۷)

چکیده

انترفرن گاما سایتوکاینی است که نقش کلیدی در ایمنی ذاتی و اکتسابی دارد و توسط لمفوسیت‌های T فعال شده و سلول‌های کشنده طبیعی تولید می‌شود. ژن انترفرن گاما پلی مرف است و ارتباط بین هاپلو تیپ‌های ژن مذکور در گوسفند با ایجاد حساسیت و یا مقاومت نسبت به نماتودهای دستگاه گوارش به اثبات رسیده است. در این مطالعه جهت ارزیابی تنوع ژن انترفرن گاما در جمعیت گوسفندان توده شال، ۱۳۶ نمونه خون کامل اخذ شد. پس از استخراج DNA ژنومی، آگزون-۳ ژن مذکور با کمک PCR افزوده گردید. پس از افزودن سازه‌سازی، آنالیز حرکت دور رشته‌ای‌های نامتجانس و بررسی تغییرات ساختاری تک رشته‌ای روی نمونه‌های افزوده شده انجام گرفت. پنج الگوی متمایز در بررسی تغییرات ساختاری تک رشته‌ای‌های نامتجانس و بررسی تغییرات ساختاری تک رشته‌ای‌های نامتجانس، تک رشته‌ای آگزون-۳ ژن انترفرن گاما مشخص گردید که از این تعداد سه الگو نمایانگر آلل مختلف در این جمعیت بودند. اگر چه آنالیز حرکت دور رشته‌ای‌های نامتجانس، تمام نمونه‌ها را بصورت هوموزیگوت نشان داد، ولی بررسی تغییرات ساختاری تک رشته‌ای توانست ۴۰/۴ درصد هتروزیگوتی را در جمعیت مورد مطالعه نشان دهد. نتایج این مطالعه نشان دهنده پلی مرفیسم بالای ژن انترفرن گاما در گوسفندان شال بود و این گوسفندان بستری مناسب جهت ادامه مطالعات بنیادین و شناسایی ردیف‌های نوکلئوتیدی آلل‌های بدست آمده خواهند بود تا درک کامل تری از ارتباط این ژن با آلودگی به انگل‌ها و سایر عوامل بیماری‌زا به دست آید.

واژه‌های کلیدی: انترفرن گاما، گوسفندان توده شال، تنوع ژنتیکی، آنالیز حرکت دور رشته‌ای‌های نامتجانس، بررسی تغییرات ساختاری تک رشته‌ای.

به دلیل شیوع بالای آلودگی‌های نماتودی در ایران، بررسی پلی مرفیسم ژن انترفرن گاما در توده‌های گوسفندان ایرانی ضروری به نظر می‌رسد. این مطالعه در نظر دارد با بررسی پلی مرفیسم آگزون-۳ ژن مذکور در توده گوسفندان شال، امکان انجام مطالعات بعدی و استفاده از روش‌های نوین در کنترل مشکل آلودگی‌های نماتودی در ایران را فراهم آورد.

مقدمه

انترفرن‌ها گروهی از سایتوکاین‌ها هستند که در پاسخ به عفونت و ویروسی، تحریک ایمنی یا طیفی از محرک‌های شیمیایی، ساخته می‌شوند (۲۲، ۲۱). به طور کلی انترفرن‌ها را به دو گروه عمده تقسیم می‌کنند: انترفرن‌های نوع I و انترفرن نوع II یا ایمن (۲۱، ۱۲، ۱۰). انترفرن نوع II یا انترفرن ایمن که به آن نام انترفرن گاما نیز داده اند، سایتوکاین اصلی فعال کننده ماکروفاژهاست و در هر دو ایمنی ذاتی و اکتسابی وابسته به سلول نقش اساسی ایفا می‌کند. این سایتوکاین در مقایسه با انترفرن‌های نوع I فعالیت ضد ویروسی نیز دارد ولی این اثر قوی نبوده و بصورت یک سایتوکاین عملیاتی در پاسخ‌های ایمنی عمل می‌کند (۲۱، ۱۲، ۱۰).

توالی ژن‌های انترفرن و عامل نکروز تومور گوسفند در دهه گذشته طی مطالعات در زمینه شناخت ژن‌های کد کننده سایتوکاین‌ها مشخص گردید (۱۷). پژوهش‌هایی که در ادامه این تحقیقات انجام گرفت علاوه بر ساخت پروتئین‌های نو ترکیب سایتوکاین‌های مذکور به بررسی تنوع در این ژن‌ها معطوف شد. Maddox و همکاران در سال ۱۹۹۹ تنوع ریز ماهواره‌های اینترون پنجم ژن IL1A، Luhken و همکاران در سال ۲۰۰۰ پلی مرفیسم ژن IL2 و Varez-Busto و همکاران در سال ۲۰۰۴ تنوع ژنتیکی در ژن رمز کننده عامل نکروز تومور آلفا گوسفند را بررسی کردند (۲۳، ۱۵، ۱۴). پلی مرفیسم ژن انترفرن گاما نیز طی مطالعات متعددی تحت بررسی قرار گرفته و ارتباط آن با ایجاد حساسیت و یا مقاومت نسبت به نماتودهای دستگاه گوارش در گوسفند نشان داده شده است (۵).

مواد و روش کار

نمونه گیری و استخراج DNA: در این بررسی ۱۳۶ نمونه خون کامل (حاوی EDTA) از گوسفندان توده شال موسسه تحقیقاتی امین آباد دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران شامل ۲۴ راس کوچ و ۱۱۲ راس میش اخذ گردید. نمونه‌ها تا زمان استخراج DNA در ۲۰- درجه سانتیگراد نگهداری شدند.

استخراج DNA ژنومی بر اساس روش ابداعی در بخش میکرو بیولوژی و ایمونولوژی دانشکده دامپزشکی دانشگاه تهران انجام گرفت. ابتدا ۱ میلی لیتر بافر لیز کننده گلبول قرمز (۱۰ میلی مولار Tris-HCl با pH: ۷/۵، ۵ میلی مولار MgCl₂، ۰/۱۵ مولار NaCl و ۰/۷۵ درصد Triton x100) به ۵۰۰ میکرو لیتر از نمونه خون اضافه شده و سپس به مدت ۶ دقیقه با نیروی ۲۰۰۰ سانتری فیوژ شد. مایع رویی دور ریخته شده و ۱ میلی لیتر از بافر مذکور دوباره به نمونه اضافه گردید و به مدت ۳ دقیقه با نیروی ۲۰۰۰ سانتری فیوژ شد. این مرحله تا زمان بدست آوردن یک پلت سفید در ته لوله تکرار می‌شد. پلت نهایی با ۶۰۰ میکرو لیتر بافر لیز کننده گلبول سفید (۱۰ میلی مولار Tris-HCl، ۰/۱ مولار NaCl، ۲۵ میلی مولار EDTA با pH: ۸ و ۰/۵ درصد SDS) مخلوط



از محصول PCR با ۲۰ میکرو لیتر از محلول فرمامید (۱ml bromophenol blue, 50 μl formamide, 100 μl TBE 10x, 50 μl saturated xylene cyanol) در ۹۵ درجه سانتیگراد به مدت ۱۰ دقیقه قرار گرفته و سپس سریعاً به روی یخ انتقال داده شد. پس از گذشت زمان ۵ دقیقه نمونه‌های تک رشته‌ای شده، روی ژل اکرلامید ۱۰ درصد به مدت ۲ ساعت با اختلاف پتانسیل ۱۵۰ ولت در بافر TBE الکترو فوروز و با اتیدیوم بروماید رنگ آمیزی شدند. لازم به ذکر است شرایط الکترو فوروز برای ژل با ارتفاع ۸/۵ سانتیمتر و ضخامت ۰/۵ میلی متر، در دمای ۲۵ درجه سانتیگراد بهینه سازی گردید. تصاویر ژل‌ها با دستگاه UV ترانس لومیناتور ثبت شدند. تصاویر به دست آمده از ژل‌ها به کمک نرم افزار (Photoshop Ver. 7.0) (Adobe) آنالیز شد و الگوهای حاصل از آزمون SSCP، با هم مقایسه و نمونه‌های مشابه مشخص گردیدند (۲۵، ۱۶).

آنالیز ژنتیکی جمعیت: فراوانی ژنوتیپ‌ها بوسیله شمارش مستقیم محاسبه شدند. میزان هوموزیگوتی و هتروزیگوتی متظره بر مبنای مدل ارائه شده توسط لوین برآورد گردید. همچنین انحراف از تعادل هاردی-وینبرگ با محاسبه میزان FIS بررسی شد. از نرم افزار (Popgene Ver. 1.32) جهت محاسبه مقادیر فوق استفاده شد. بیش بینی وضعیت فراوانی آلل‌های بدست آمده در نسل‌های بعدی جمعیت مورد مطالعه توسط نرم افزار (4.5) (Populus Ver) محاسبه گردید.

نتایج

نتایج حاصل از افزوده سازی اگزون - ۳ ژن انترفرن گاما با استفاده از پرایمرهای معرفی شده توسط Zhou و همکاران در سال ۲۰۰۷ در تصویر ۱ نشان داده شده است. باند حاصل با کیفیت مطلوب و با وزن جفت باز بدون پرایمر دایمر در تصویر مشخص است.

با استفاده از آزمون آنالیز حرکت دور رشته‌ای‌های نامتجانس، باند اضافه تری در تصاویر بدست آمده از نمونه‌ها دیده نشد (تصویر ۲)، در حالی که اگر نمونه‌ای هتروزیگوت باشد دو باند در بالای محصولات PCR قابل رؤیت است. با توجه به تصاویر بدست آمده تمام نمونه‌های تحت بررسی در این مطالعه از نظر این آزمون هوموزیگوت هستند.

با استفاده از آزمون SSCP پنج الگوی متفاوت در جمعیت مورد مطالعه شناسایی گردید. پروفایل A، C و E با تعداد ۲ باند و پروفایل B و D با تعداد ۳ باند در آزمون SSCP مشخص گردیدند. در تصویر ۳ انواع الگوهای بدست آمده نشان داده شده است. الگوهای A، C و E به دلیل هوموزیگوت بودن نمایانگر آلل (a, e) هستند، الگوی B هتروزیگوتی از دو آلل a و c است و الگوی D نیز از دو آلل a و e تشکیل شده است. آنالیز آماری حاصل از یافته‌های این مطالعه نشان دهنده ۵۹/۶ درصد هوموزیگوتی ۴۰/۴ درصد هتروزیگوتی در سطح جمعیت مورد مطالعه است. آلل a با ۷۴/۶ درصد و آلل c با ۷/۷ درصد دارای بیشترین و کمترین فراوانی هستند.

آنالیز آماری نشان داد که جمعیت مورد مطالعه از تعادل هاردی-وینبرگ

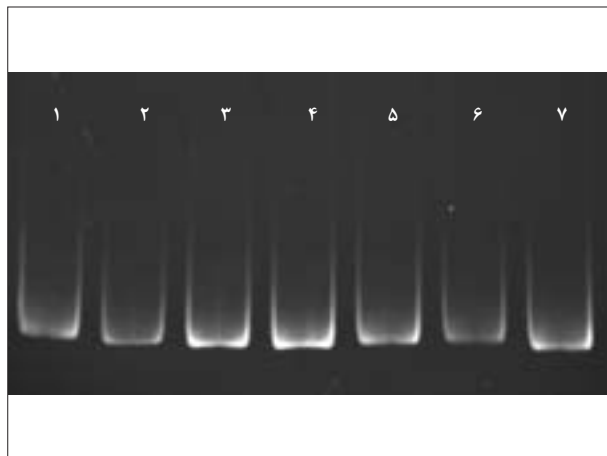
می‌گردید و پلت کاملادر محلول یکنواخت می‌شد. ۳۰۰ میکرو لیتر بافر دنا توره کننده (۴ مولار Guanidium thiocyanate، ۲۵ میلی مولار Sodium citrate و ۰/۵ درصد Sarkosyl) به مخلوط قبلی اضافه شد و ۱۰ دقیقه در دمای اتاق نگهداری شد، سپس ۳۰۰ میکرو لیتر محلول استات پتاسیم (۳ مولار acetate Potassium و ۱۱/۵ درصد Glacial acetic acid) به مخلوط قبلی اضافه شد. پس از یکنواخت کردن محلول جهت رسوب دادن پروتئین‌ها، نمونه به مدت ۵ دقیقه با نیروی ۱۲۰۰۰g سانتریفیوژ می‌شد. ۱ میلی لیتر از مایع رویی به یک تیوب جدید منتقل شده و ۷۰۰ میکرو لیتر ایزوپروپانل به آن اضافه و به مدت ۳ دقیقه با نیروی ۱۲۰۰۰g سانتریفیوژ شده تا DNA در ته تیوب رسوب کند. مایع رویی کاملاً از تیوب خارج شده و پلت DNA با ۶۰۰ میکرو لیتر اتانل ۷۰ درصد شستشو داده شد. پلت به مدت ۱۵ دقیقه در دمای محیط قرار داده می‌شد تا خشک شود. در نهایت پلت در ۱۰۰ میکرو لیتر بافر TE (Tris-EDTA) حل شده و در دمای ۲۰- درجه سانتیگراد نگهداری شد.

افزوده سازی اگزون - ۳ ژن انترفرن گاما: جهت بررسی تنوع سومین اگزون ژن انترفرن گاما از روشی که ژو و همکاران در سال ۲۰۰۷ ارائه کرده بودند استفاده گردید (۲۵). واکنش زنجیره‌ای پلی مرز (PCR) روی ژن مذکور با استفاده از پرایمرهای (5'-ACATCAACCTCTCTTTGTGCTC-3') و (5'-GTAAGAGCCTCTGCAATGATAC-3') و چرخه‌های حرارتی شامل یک چرخه ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت ۲ دقیقه، ۳۵ چرخه سه مرحله‌ای، شامل ۹۴ درجه سانتیگراد به مدت ۳۰ ثانیه، ۶۰ درجه سانتیگراد به مدت ۳۰ ثانیه، ۷۲ درجه سانتیگراد به مدت ۵ دقیقه و در حجم نهایی ۵۰ میکرو لیتر شامل ۱/۵ میلی مولار MgCl₂، ۲۰۰ میکرو مولار dNTP، ۰/۴ میلی مولار از پرایمرهای مذکور، ۱ واحد Taq DNA Polymerase (شرکت سیناژن) و ۱ میکرو لیتر DNA انجام گرفت. در نهایت ۵ میکرو لیتر از محصول مرحله دوم روی ژل آگارز ۱/۵ درصد الکترو فوروز شد تا کیفیت و طول قطعه تکثیر شده مورد ارزیابی قرار گیرد (۲۴).

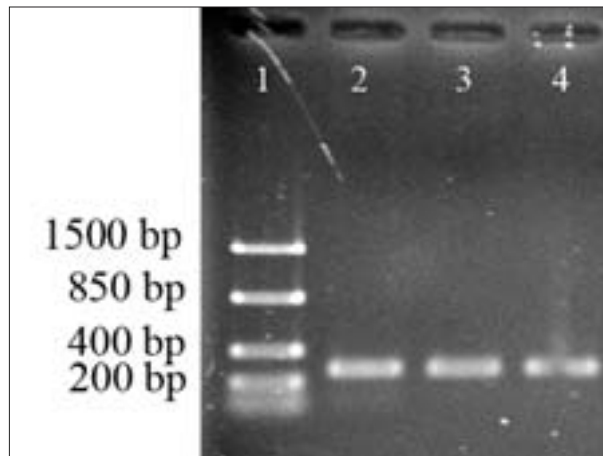
آنالیز حرکت دور رشته‌ای‌های نامتجانس (HMA): جهت انجام آزمون HMA محصولات PCR که کیفیت آنها در مرحله قبل تایید شده بود انتخاب گردیدند. ۵ میکرو لیتر از هر نمونه به مدت ۲ دقیقه در دمای ۹۵ درجه سانتیگراد قرار داده شد. سپس نمونه‌ها سریعاً به روی یخ منتقل شده و پس از ۱۰ دقیقه نگهداری روی یخ بلافاصله روی ژل اکرلامید ۱۰ درصد در بافر TBE (۹ میلی مولار Tris، ۹ میلی مولار Boric acid، ۲ میلی مولار EDTA) به مدت ۹۰ دقیقه با اختلاف پتانسیل ۱۲۰ ولت در دمای ۲۵ درجه سانتیگراد الکترو فوروز گردیدند. پس از اتمام الکترو فوروز، ژل‌ها بوسیله bromide Ethidium رنگ آمیزی شده و در نهایت تصاویر با دستگاه ترانس لومیناتور ماوراء بنفش ثبت شدند (۸، ۱۳).

آزمون بررسی تغییرات ساختاری تک رشته‌ای (SSCP): پس از حصول اطمینان از صحت کار در مرحله افزوده سازی، جهت انجام SSCP از روشی که ژو و همکاران در سال ۲۰۰۷ ارائه کرده بودند استفاده گردید (۲۵). ۱۰ میکرو لیتر

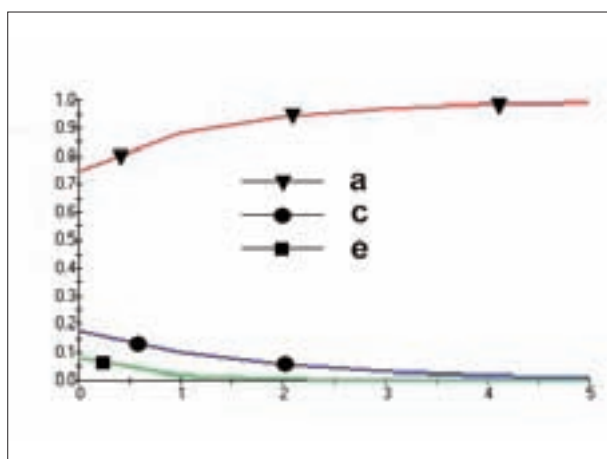




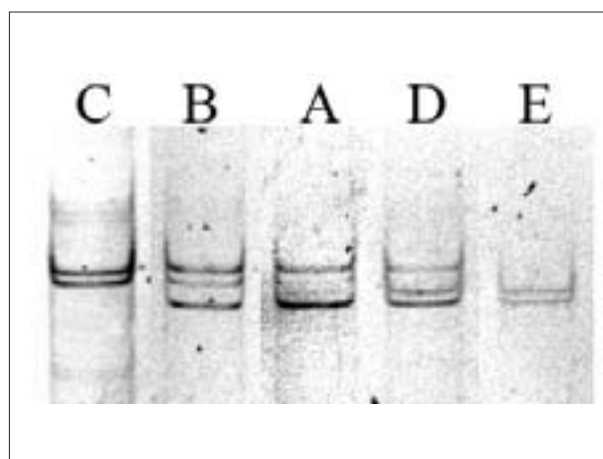
تصویر ۲- نتایج بدست آمده از آزمون آنالیز حرکت دو رشته‌ای‌های نامتجانس روی محصولات PCR (ستون ۱ الی ۷).



تصویر ۱- الکتروفورز محصولات بدست آمده از روش PCR (ستون ۲ الی ۸) در کنار مارکر (ستون ۱) (Fast Ruler, Low Range, Fermentase Co.).



تصویر ۴- برآورد فراوانی آلل‌های مشخص شده در این مطالعه تا نسل پنجم.



تصویر ۳- الگوهای بدست آمده از آزمون SSCP.

بیماری‌ها مقاوم بودند شکل گرفت (۴). در این راستا جستجو جهت شناسایی ژن‌هایی که دارای ارتباط با پاتوژن‌ها هستند در دهه هشتاد میلادی آغاز شد (۷). ژن‌های پاسخ‌دهنده در سیستم ایمنی از ابتدا به عنوان یکی از عوامل دخیل در ایجاد حساسیت و یا مقاومت نسبت به بیماری‌ها مورد مطالعه قرار گرفته است. با پیشرفت‌هایی که تاکنون بدست آمده نقش این ژن‌ها در ارتباط با بسیاری از بیماری‌ها به اثبات رسیده و هنوز مطالعات در مورد ژن‌های پاسخگو در سیستم ایمنی جریان دارد. ارتباط ژن انترفرن گاما با بیماری‌ها، در پزشکی و دامپزشکی موضوع تحقیقات بسیاری بوده است و ارتباط آن با ایجاد حساسیت و یا مقاومت نسبت به بعضی بیماری‌ها به اثبات رسیده است (۳، ۴، ۹، ۱۰، ۱۱، ۱۸، ۲۰، ۲۴).

آلودگی‌های نامتودی به خصوص در گوسفند عامل ایجاد بیشترین میزان ضرر اقتصادی است و استفاده از داروهای ضد کرمی، هزینه بر و همراه با ایجاد مقاومت دارویی در انگل‌ها است. در همین راستا شناسایی ژن‌هایی که باعث ایجاد مقاومت نسبت به عفونت‌های انگلی می‌شوند جهت استفاده در برنامه‌های اصلاح نژادی و بدست آوردن نژادهای مقاوم تریکی از بهترین و

خارج شده است. فراوانی ژنوتیپ‌ها و آلل‌ها در جدول ۱ و ۲ و میزان مشاهده شده و منتظره از هتروزوگوتی و هوموزیگوتی جمعیت گوسفند توده شال که در این مطالعه تحت بررسی قرار گرفتند در جدول ۳ آمده است. همچنین مدل نرم افزاری از فراوانی آلل‌ها در نسل‌های بعدی، چنین نشان داد که فراوانی آلل e در نسل دوم تقریباً معادل صفر شده و چنین حالتی برای آلل c نیز در نسل پنجم حادث خواهد شد. آلل a تنها آلل موجود در نسل ششم از جمعیت مورد مطالعه خواهد بود (تصویر ۴).

بحث

بالا بودن هزینه درمان و تحقیقات جهت ساخت دارو و واکسن، متفاوت بودن نتایج استفاده از یک دارو در آزمایشگاه و بالین، مقاومت انگل‌ها و میکروب‌ها نسبت به دارو به دلیل استفاده مکرر از دارو، حساسیت نسبت به واکسن‌ها و دارو‌ها موجب شده که امروزه کنترل ژنتیکی بیماری‌ها یکی از مباحث عمده علوم پزشکی و دامپزشکی باشد (۴). مبحث کنترل ژنتیکی بیماری‌ها با مشاهده افراد و یا جمعیت‌هایی که نسبت به برخی عوامل



جدول ۱- فراوانی الگوهای بدست آمده از آزمون SSCP.

ژنوتیپ	B	A	E	D	C	جمع کل
فراوانی مطلق (رأس)	۷۴	۴۰	۴	۱۵	۳	۱۳۶
درصد فراوانی (درصد)	۵۴/۴	۲۹/۴	۳	۱۱	۲/۲	۱۰۰

جدول ۳- میزان مشاهده شده و منتظره از هتروزایگوتی و هوموزایگوتی جمعیت گوسفند توده شال. * هوموزایگوتی و هتروزایگوتی منتظره بر مبنای مدل ارائه شده توسط لوین (۱۹۷۳). ** سطح معنی داری نشان می دهد جمعیت مورد مطالعه از تعادل هاردی - وینبرگ خارج شده است.

نام جایگاه ژنی	هوموزایگوتی (درصد)	هتروزایگوتی (درصد)	هوموزایگوتی منتظره (درصد)	هتروزایگوتی منتظره (درصد)	سطح معنی داری (p Values)
اگزون-۳ ژن انترفرن گاما	۵۹/۶	۴۰/۴	۵۹/۳	۴۰/۷	۰/۰۱

مقرون به صرفه ترین روش های کنترل آلودگی های نامتودی محسوب می شود (۴).

ریز ماهواره های مشخص شده در اینترون یک ژن انترفرن گاما توسط Coltman و همکاران در سال ۲۰۰۱ و Sayers و همکاران در سال ۲۰۰۱ در نژادهای مختلف گوسفند مورد مطالعه قرار گرفته اند. نتایج این بررسی هاینز در روشن نمودن تنوع ژن و ارتباط برخی از هاپلو تیپ های آن با ایجاد مقاومت نسبت به آلودگی های نامتودی مورد استفاده قرار گرفته است (۱۹، ۵).

نتایج بررسی تنوع ژنتیکی اگزون-۳ ژن انترفرن گاما با روش SSCP-PCR توسط Zhou و همکاران در سال ۲۰۰۷ در جمعیتی شامل ۳۱۰ راس گوسفند از پنج نژاد گوناگون مرینو، کوریدال، رامنی، پل دورست و نژادی مخلوط، ۹ پرو فایل متمایز را نشان داده که شامل ۴ الگوی هتروزایگوت و ۵ الگوی هوموزایگوت است (۲۵). نامبردگان پس از تعیین ردیف های نوکلئوتیدی مربوط به هر الگو، در مجموع چهار ناحیه پلی مرف را نشان دادند که هر کدام واجد یک SNP است. نتایج حاصل از تحقیق مذکور نیز مؤید توان بالای SSCP در تشخیص موارد هتروزایگوتی است.

در مطالعه حاضر که بر روی گوسفند توده شال انجام گرفت ۵ پرو فایل متمایز شناسایی شد. از مجموعه اطلاعات بدست آمده، این ۵ پرو فایل مربوط به ۳ آلل متفاوت بوده اند چرا که پرو فایل B مجموعه ای از باندهای دو پرو فایل دیگر (C, A) است (تصویر ۳). پرو فایل D نیز مجموعه ای از دو پرو فایل A و E است (تصویر ۳). در نتیجه الگوهای A, C و E نشان دهنده نمونه های هوموزایگوت و الگوهای B و D نشان دهنده نمونه های هتروزایگوت هستند. به علت کاهش فراوانی آلل e در وضعیت هوموزایگوت و هتروزایگوت با آلل c این جمعیت از نظر ژن انترفرن گاما از تعادل هاردی - وینبرگ خارج شده، که نشان می دهد، این ژن به شدت تحت تاثیر فشار انتخابی در برنامه های اصلاح نژاد است.

اگرچه آنالیز دورشته ای های نامتجانس تمامی نمونه ها را بصورت هوموزایگوت نشان داده ولی در واقع نتوانسته هتروزایگوتی را در سطحی که SSCP نشان داده است تأیید نماید. این عدم تطبیق بر این حقیقت استوار

جدول ۲- فراوانی آلل های بدست آمده از گوسفندان توده شال.

آلل	c	a	e	جمع کل
فراوانی مطلق (رأس)	۲۰۳	۴۸	۲۱	۲۷۲
درصد فراوانی (درصد)	۷۴/۶	۱۷/۶	۷/۷	۹۹/۹

است که موتاسیون های تک نوکلئوتیدی در آنالیز دورشته ای نامتجانس قابل تشخیص نبوده و تنوع آللیک در چنین سطوحی را مشخص نمی نماید. بنابراین با آنالیز SSCP به گونه ای تمایز هتروزایگوتی با دقت بیشتر و قدرت تفکیکی بالاتر صورت خواهد گرفت.

در مجموعه مطالعات انجام شده که تاکنون با موضوع حساسیت و مقاومت نسبت به آلودگی های نامتودی انجام شده، هیچ یک به چگونگی تاثیر ژن انترفرن گاما در ایجاد حساسیت و یا مقاومت اشاره ای نکرده و تنها بر اساس یافته های آماری بعضی از هاپلو تیپ ها را به عنوان عامل خطر معرفی می کنند. در عین حال این تحقیقات تاکنون محدود به بررسی تنوع ردیف های نوکلئوتیدی در اینترون ها بوده، یعنی بخش هایی از ژنوم که ترجمه نمی شوند و شامل اگزون ها یا بخش های قابل ترجمه نبوده است (۴). از آنجایی که فعالیت های شناخته شده انترفرن گاما بیشتر در ارتباط با عفونت های میکروبی بوده و از ایجاد پاسخ هایی که منجر به تولید IgE و فعالیت ائوزینوفیل ها می شوند جلوگیری می کند، احتمال دخالت مستقیم پروتئین انترفرن گاما در ایجاد مقاومت و یا حساسیت نسبت به آلودگی های نامتودی کم است. با این وجود می توان یافته های فوق را از طریق تاثیر بخش های همجوار ژنومی (پایین رو یا بالا رو) بر میزان بیان ژن انترفرن گاما و یا ژن های ناشناخته دیگری که دارای تاثیر گذاری مستقیم هستند و با بعضی از هاپلو تیپ ها همزمان به ارث می رسند توجیه نمود. البته با توجه به وجود پلی مرفیسم در اگزون-۳ ژن انترفرن گاما که در این مطالعه نیز به اثبات رسید، بررسی ارتباط آماری آلل های شناسایی شده در این ناحیه که دارای تظاهرات فنوتیپی متفاوت نیز می باشند با میزان آلودگی نامتودی در گوسفند و همچنین بررسی همزمانی حضور آلل های مذکور با هاپلو تیپ های مربوط به اینترون ها تا حدود زیادی چگونگی تاثیرات مستقیم و یا غیر مستقیم این ژن و پروتئین حاصل از آن در ایجاد حساسیت و یا مقاومت نسبت به آلودگی های نامتودی را روشن خواهد نمود.

توده گوسفند شال یکی از بارزترین توده های گوسفند ایرانی است و برنامه های اصلاح نژاد روی این گوسفند در حال انجام است. از سوی دیگر، پرورش گوسفند در ایران بیشتر بصورت غیر متمرکز و مرتعی می باشد یا به عبارتی با زندگی کوچ نشینی همراه است و در چنین شکلی از پرورش دام میزان آلودگی نامتودی بالا است و شیوع برخی از نامتودهای گوسفند مثل اوسترتاژیا سیرکومسینکتا در ایران به ۸۴ درصد نیز می رسد (۸). نتایج این مطالعه نشان دهنده پلی مرفیسم بالای ژن انترفرن گاما در گوسفندان شال بوده و این گوسفندان بستری مناسب جهت ادامه مطالعات بنیادین و شناسایی ردیف های نوکلئوتیدی آلل های بدست آمده خواهند بود تا درک



References

1. Abbas, A. K., Lichtman, A. H. (2004) Basic Immunology, Saunders, Philadelphia, USA. pp. 35-37, 95-97, 112-118.
2. Abbas, A. K., Lichtman, A. H. (2006) Cellular and Molecular Immunology, Saunders, Philadelphia, USA. pp. 243-274.
3. Cabantous, S., Poudiougou, B., Traore, A., Keita, M., Cisse, M. B., Doumbo, O., Dessein, A. J., Marquet, S. (2005) Evidence that interferon-gamma plays a protective role during cerebral malaria. *J. Infect. Dis.* 192: 854-860.
4. Charon, K. M. (2004) Genes controlling resistance to gastrointestinal nematodes in ruminants. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 22: 135-139.
5. Coltman, D. W., Wilson, K., Pilkington, J. G., Stear, M. J., Pemberton, J. M. (2001) A microsatellite polymorphism in the gamma interferon gene is associated with resistance to gastrointestinal nematodes in a naturally-parasitized population of Soay sheep. *Parasitology.* 122: 571-582.
6. De, S., Singh, R. K., Butchiah, G. (2002) MHC-DRB exon 2 allele polymorphism in Indian river buffalo (*Bubalus bubalis*). *Anim. Genet.* 33: 215-219.
7. Dukkupati, V. S. R., Blair, H. T., Garrick D. J., Murray A. (2006) 'Ovar-Mhc'-ovine major histocompatibility complex: structure and gene polymorphisms. *Genet. Mol. Res.* 5: 581-608.
8. Eslami, A. (2007) Veterinary Helminthology. University of Tehran Publication, Tehran, Iran. pp. 316- 397.
9. Etokebe, G. E., Bulat-Kardum, L., Johansen, M. S., Knezevic, J., Balen, S., Matakovic-Mileusnic, N., Matanic, D., Flego, V., Pavelic, J., Beg-Zec, Z., Dembic, Z. (2006) Interferon-gamma gene (T874A and G2109A) polymorphisms are associated with microscopy-positive tuberculosis. *Scand. J. Immunol.* 63: 136-141.
10. Henri, S., Stefani, F., Parzy, D., Eboumbou, C., Dessein, A., Chevillard, C. (2002) Description of three new polymorphisms in the intronic and 3'UTR regions of the human interferon gamma gene. *Genes Immun.* 3: 1-4.
11. Jahromi, M., Millward, A., Demaine, A. (2000) A CA repeat polymorphism of the IFN-gamma gene is associated with susceptibility to type 1 diabetes. *J. Interferon Cytokine Res.* 20: 187-190.
12. Janeway, A. C. Travers, P. Walport, M., Shlomchik, M. J. (2005) Immunobiology. (6thed.) Garland Science Publishing, NY. USA. pp. 347-351
13. Langerak, A. W., Szczepanski, T., van der Burg, M., Wolvers-Tettero, I. L., van Dongen, J. J. (1997) Heteroduplex PCR analysis of rearranged T cell receptor genes for clonality assessment in suspect T cell proliferations. *Leukemia.* 11: 2192-2199
14. Luhken, G., Hiendleder, S., Prinzenberg, E. M., Erhardt, G. (2000) Rapid communication: a single-strand conformation polymorphism in the ovine interleukin-2 (IL-2) gene. *J. Anim Sci.* 78: 2754-2755.
15. Maddox, J. F., Hawken, R. J., Matthew, P., Davies, K. P. (1999) Single strand conformational polymorphisms (SSCPs) in the ovine IL1A and IL6 genes. *Anim Genet.* 30: 317-318.
16. Nikbakht, Gh. Barjeste. (2008) N. A study of the genotypic variability at the MHC (B - F) in Arian broiler chickens by PCR-SSCP. *J. Vet. Res.* 64:63-69.
17. Piper, L., Ruvinsky A. (1997) The Genetics of Sheep. Cabi Publishing. Oxford shire, UK. pp. 183-193
18. Saha, A., Dhir, A., Ranjan, A., Gupta, V., Bairwa, N., Bamezai, R. (2005) Functional IFNG polymorphism in intron 1 in association with an increased risk to promote sporadic breast cancer. *Immunogenetics.* 57: 165-171.
19. Sayers, G., Good, B., Hanrahan, J. P., Ryan, M., Sweeney, T. (2005) Intron 1 of the interferon gamma gene: Its role in nematode resistance in Suffolk and Texel sheep breeds. *Res. Vet. Sci.* 79: 191-196.
20. Schrijver, H. M., Hooper-van, V. T., van Belzen, M. J., Crusius, J. B., Pena, A. S., Barkhof, F., Polman, C. H., Uitdehaag, B. M. (2004) Polymorphisms in the genes encoding interferon-gamma and interferon-gamma receptors in multiple sclerosis. *Eur. J. Immunogenet.* 31: 133-140.



21. Tadjbakhsh, H. (1995) *Essential Immunology*. University of Tehran Publication, Tehran, Iran. pp. 495- 497.
22. Tizard, I. R. (2004) *Veterinary Immunology*. (7thed.) Saunders. Philadelphia. USA. pp. 133-144.
23. varez-Busto, J., Ruiz-Nunez, A., Mazon, L. I., Jugo, B. M. (2004) Detection of polymorphisms in the tumour necrosis factor alpha candidate gene in sheep. *Eur. J. Immunogenet.* 31: 155-158.
24. Yu, H., Zhu, Q. R., Gu, S. Q., Fei, L. E. (2006) Relationship between IFN-gamma gene polymorphism and susceptibility to intrauterine HBV infection. *World J. Gastroenterol.* 12: 2928-2931.
25. Zhou, H., Hickford, J. G., Fang, Q. (2007) Polymorphism report: Allelic polymorphism of the ovine interferon gamma (IFNG) gene. *Mol. Cell Prob.* 21: 76-77.



STUDY ON INTERFERON GAMMA GENE POLYMORPHISM IN SHAUL SHEEP

Nikbakht Brujeni, GH.^{1*}, Emam, M.¹, Mahmoodzadeh, H.², Barjesteh, N.¹

¹Department of Microbiology, Faculty of Veterinary Medicine, University of Tehran, Tehran - Iran.

²Department of Animal and Poultry Health and Nutrition, Faculty of Veterinary Medicine, University of Tehran, Tehran - Iran.

(Received 6 March 2008, Accepted 12 December 2008)

Abstract:

Interferon gamma (IFN- γ) is a cytokine produced by activated T lymphocytes and natural killer cells. It plays an important role in innate and adaptive immunity. IFN- γ gene is polymorphic and its haplotype has been associated with resistance to nematode infestations which are the most important parasites of domestic sheep worldwide. To evaluate IFN- γ polymorphism in Iranian Shaul sheep population, 136 blood samples were collected. Genomic DNA were extracted and amplified by PCR using specific primers for exon 3 of IFN- γ gene. After gene amplification, SSCP and Heteroduplex mobility analysis carried out on polyacrylamid gel. Five unique SSCP patterns were detected in this population which 3 of them represent 3 alleles. Although heteroduplex mobility analysis demonstrated that all samples were homozygous, SSCP could reveal heterozygosity at frequency of 40. 4% in the studied population. Data obtained from the present study have revealed that IFN- γ gene was a highly polymorphic in Iranian Shaul ecotype. This will be useful to study host-pathogen interaction and to evaluate association between resistance or susceptibility to disease with IFN- γ in this ecotype.

Key words: interferon gamma, Shaul sheep, gene polymorphism, heteroduplex mobility analysis, single strand conformation polymorphism analysis.

*Corresponding author's email: nikbakht@ut.ac.ir, Tel: 021-661117053, Fax: 021-66427517

