

Polymorphisms of *THRSP* gene exon 2 and their associations with production and reproductive traits in Markhoz goats

A. Moradalian¹, P. Zamani^{1*}, M. Ghasemi¹, R. Abdoli²

1. Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran

2. Iran Silk Research Centre, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Guilan, Iran

(Received: 30-06-2025 – Revised: 21-08-2025 – Accepted: 21-08-2025 – Available online: 03-09-2025)

Abstract

Introduction: Quantitative traits are mainly controlled by many genes with additive effects. However, some genes may have a significant impact on the genetic variation of traits, which are so called major genes and alongside genetic markers, and can be utilized in selection programs for economically important traits. The thyroid hormone responsive gene (*THRSP*) is a protein-coding gene that is predominantly expressed in mammary, adipose, and liver tissues, and its role in lipid metabolism has been demonstrated in some previous studies. Therefore, its expression may influence various performance and reproductive traits in farm animals. In a previous study, polymorphisms of the *THRSP* gene exon 1 had significant associations with reproductive traits in Markhoz goats. This study was conducted to investigate polymorphisms in exon 2 of the *THRSP* gene and their association with production and reproductive traits in Markhoz goats, as an endangered breed.

Materials and methods: Blood samples were collected from 146 female Markhoz goats at the Markhoz Goat Research Station in Kurdistan Province, Iran. Polymerase chain reactions (PCR) were performed to amplify two fragments of 306 and 414 base pairs from exon 2 of this gene, using two pairs of specific primers as follows: The 306 bp fragment: 5' GTTCACACTCCTATGCCTA 3' (Forward) and 5' TTTATGGCTCATCAAGTCCGA 3' (Reverse); the 414 bp fragment: 5' TCGCTCCTCTCACTAGCTTG 3' (Forward) and 5' GTCTCTGCTCAATAGGCAT 3' (Reverse). Polymorphisms in the amplified fragments were evaluated using single-strand conformation polymorphism (SSCP) analysis and DNA sequencing. The obtained sequences were compared with the goat reference genome (ARS1: GCF_001704415.1). Allelic and genotypic frequencies were calculated using the counting method, and differences between the observed genotypic frequencies and those expected under Hardy-Weinberg equilibrium were assessed using the chi-square test. The association between the observed genotypes and body weights at different ages was analyzed using a general linear model (GLM), while the association between litter size per lambing and the observed genotypes was evaluated using the non-parametric Wilcoxon test.

Results and discussion: In the SSCP analysis of the studied fragments, two distinct patterns were observed for the 414 bp fragment and three distinct patterns were observed for the 306 bp fragment. The sequencing results revealed three single-nucleotide polymorphisms (SNPs) including CHR 29. g.17430527 C>T, CHR 29. g.17430290 G>A, and CHR 29. g.17430307 C>T. The polymorphisms identified in this study have not been previously reported in other goat populations and therefore, can be considered as novel mutations of this gene in goats. The analysis of the predicted amino acid sequences and their comparison with the polypeptide sequence encoded by the reference sequence XM_005699494.3 in GenBank and the goat *THRSP* sequence in the Ensembl database (ENSCHIG00040005633) revealed that, although the mutations identified in this study were located in

* Corresponding author: pzamani@basu.ac.ir



exon 2 of *THRSP*, none of them were present in the final polypeptide product of this gene (sequence XP_005699551.2 in the NCBI database).

None of the detected polymorphisms had a significant association with body weight or litter size traits. Non-significant effects of these mutations on the studied production and reproductive traits is likely due to absence of their influence on the amino acid sequence of the final polypeptide product. The observed genotype frequencies at CHR 29. g.17430527 C>T and CHR 29. g.17430290 G>A loci deviated from the Hardy-Weinberg equilibrium. Such deviations may be attributed to sampling effects or genetic drift resulting from the small population size of Markhoz goats. However, it is also possible that these mutations influence RNA splicing process or gene expression, which requires further investigation.

Conclusions: In this study, three single-nucleotide polymorphisms of CHR 29. g.17430527 C>T, CHR 29. g.17430290 G>A and CHR 29. g.17430307 C>T. were identified in exon 2 of the *THRSP* gene in Markhoz goats, none of which were significantly associated with body weight or litter size traits. It seems that further studies on other major genes in this breed are necessary to identify polymorphisms associated with production and reproductive traits to identify potential markers to use in selection programs. Moreover, it is recommended that similar studies should be conducted on other breeds with larger effective population sizes.

Keywords: Goat, Single-nucleotide polymorphism, Prolificacy, Candidate gene, Body weight

Ethics statement: This study was conducted with the full consideration of animal welfare and the approval of this study was granted by the Ethics Committee of Bu-Ali Sina University.

Data availability statement: The data that support the findings of this study are available on request from the corresponding author.

Conflicts of interest: The authors declare no conflicts of interest.

Funding: The project is financially supported by the Bu-Ali Sina University, Iran.

Acknowledgment: The authors thank the Academic Staffs in the Kurdistan University and Markhoz Goat Research Station in Kurdistan Province of Iran, for their assistance in sampling and data collection, and their support to conduct this project.

How to cite this article:

Moradalian, A., Zamani, P., Ghasemi, M., & Abdoli, R. (2026). Polymorphisms of *THRSP* gene exon 2 and their associations with production and reproductive traits in Markhoz goats. *Animal Production Research*, 15(1), 45-55. doi: 10.22124/ar.2025.31041.1907



چندشکلی‌های اگزون ۲ ژن *THRSP* و ارتباط آنها با صفات تولیدی و تولیدمثلی در بزهای مرکز

علی مرادعلیان^۱، پویا زمانی^{۱*}، مریم قاسمی^۱، رامین عبدلی^۲

۱- گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا

۲- مرکز تحقیقات ابریشم کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گیلان، ایران

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۴/۰۹ - تاریخ بازنگری: ۱۴۰۴/۰۵/۳۰ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۵/۳۰ - تاریخ انتشار برخط: ۱۴۰۴/۰۶/۱۲)

چکیده

ژن پاسخگوی هورمون تیروئید (*THRSP*) یکی از ژن‌های مؤثر بر صفات تولیدی در جانوران به‌شمار می‌آید. این پژوهش با هدف بررسی چندشکلی‌های ژن *THRSP* و ارتباط آن‌ها با صفات تولیدی و تولیدمثلی در بزهای مرکز انجام شد. نمونه‌های خون از ۱۴۶ بز ماده مرکز از ایستگاه تحقیقاتی بز مرکز در استان کردستان ایران، گرفته شدند. واکنش‌های زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) برای تکثیر دو قطعه ۳۰۶ و ۴۱۴ جفت بازی از اگزون ۲ این ژن با استفاده از دو جفت پرایمر اختصاصی به‌کار گرفته شدند. چندشکلی‌های بخش‌های تکثیر شده با روش‌های چندشکلی فضایی تکرشته‌ای منفرد (SSCP) و توالی‌یابی DNA بررسی شدند و با توالی مرجع بز (ARS1: GCF_001704415.1) مقایسه شدند. نتایج این پژوهش، سه چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی شامل CHR 29. g.17430527 C>T، CHR 29. g.17430290 G>A و CHR 29. g.17430307 C>T را نشان دادند. با وجود قرار گرفتن جهش‌های مشاهده‌شده در اگزون ۲ ژن *THRSP*، بررسی توالی اسیدهای آمینه پیش‌بینی شده نشان داد که هیچ‌یک از این جهش‌ها تأثیری بر محصول نهایی پلی‌پپتیدی این ژن ندارند. همچنین، هیچ یک از چندشکلی‌های مشاهده شده، ارتباط معنی‌داری با صفات وزن بدن و چندقلوایی نداشتند. بنابراین، به‌نظر می‌رسد که برای یافتن چندشکلی‌های احتمالی مرتبط با صفات تولیدی و تولیدمثلی بز مرکز، باید ژن‌های کاندید عمده دیگری مورد بررسی قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی: بز، چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی، چندقلوایی، ژن کاندید، وزن بدن

* نویسنده مسئول: pzamani@basu.ac.ir

مقدمه

در ژن‌های عمده مرتبط با صفات مورد نظر همواره از اولویت بالایی برخوردار است. در همین زمینه، ژن پاسخگوی هورمون تیروئید (*THRSP*) که با دو اگزون روی کروموزوم ۲۹ بز قرار دارد و پروتئین کوچکی را کد می‌کند، به‌عنوان یک ژن کاندید قوی مؤثر بر صفات رشد در بز مطرح است (An et al., 2012; Ghasemi et al., 2022). این ژن یک ژن کدکننده پروتئین است که عمدتاً در بافت‌های پستان، چربی و کبد بیان می‌شود (Zhan et al., 2006) و نقش آن در سوخت و ساز چربی‌ها در برخی از مطالعات گذشته نشان داده شده است (Zhou et al., 2011; Chen et al., 2012; Polasik et al., 2021). بنابراین، ممکن است بیان آن بر کلیه صفات عملکردی و تولیدمثلی دام‌های مزرعه مؤثر باشد. در مطالعات گذشته، ارتباط چندشکلی اگزون یک ژن *THRSP* با صفات مهم اقتصادی بز مرخز بررسی شده و ارتباط آنها با صفات تولیدمثلی مورد تأیید قرار گرفته است (Ghasemi et al., 2022). با این حال، بخش‌های دیگر این ژن در هیچ مطالعه‌ای مورد بررسی قرار نگرفته‌اند. با توجه به ضرورت انجام پژوهش‌های بیشتر برای کمک به حفظ بز در معرض انقراض مرخز، بررسی بخش‌های دیگر این ژن برای یافتن نشانگرهای احتمالی قابل استفاده در انتخاب به‌کمک نشان‌گرها ضروری است. این پژوهش با هدف بررسی چندشکلی‌های موجود در اگزون ۲ *THRSP* و ارتباط آنها با صفات تولیدی و تولید مثلی در بزهای مرخز انجام شد.

مواد و روش‌ها

جمعیت مورد بررسی: جمعیت مورد بررسی در این پژوهش، گله بز مرخز واقع در مرکز تحقیقات استان کردستان، شهرستان سنندج بود. دام‌ها در شرایط مدیریتی نیمه-متمرکز با سیستم آمیزش کنترل شده نگهداری می‌شدند. در جمعیت مورد بررسی، ماه آمیزش از مهر تا آبان و ماه زایش از فروردین تا اردیبهشت است. بزهای ماده نخستین بار در سن ۱۸ ماهگی به بزهای نر معرفی می‌شوند و هر بز نر به‌طور تصادفی با ۱۰ تا ۱۵ بز ماده آمیزش داده می‌شود (Abdoli et al., 2019). در این جمعیت، بزغاله‌های تازه متولد شده تا سن ۱۵ روزگی به‌طور کامل با شیر مادر تغذیه می‌شوند و پس از آن، پودر یونجه به‌طور آزاد در اختیار آنها قرار داده می‌شود و در حدود ۹۰ روزگی از شیر گرفته می‌شوند (Zamani & Almasi, 2017).

عموماً نژادهای بومی در مقایسه با نژادهای اصلاح شده خارجی، مقاومت بیشتری نسبت به شرایط نامساعد محیطی دارند و هزینه‌های تغذیه، بهداشت و جایگاه آنها پایین‌تر است. با این حال برای بهبود بازده پرورش آنها لازم است که این نژادها مورد مطالعه و بررسی بیشتری قرار گیرند (Tavakolian, 2000). بنابراین، حفظ، تکثیر و بهبود عملکرد نژادهای بومی همواره از اهمیت بالایی برخوردار است.

یکی از گونه‌های مهم دام‌های مزرعه در ایران، بز است و پرورش بز همواره به‌عنوان یکی از مشاغل مهم تولیدی در ایران به‌شمار رفته است چرا که بز در برابر شرایط بد آب و هوایی و خشکی مقاوم است و در مقایسه با دام‌های دیگر، نیاز نگهداری پایین‌تری دارد. بنابراین، بخش زیادی از خوراک مصرفی بز صرف تولید و رشد و نمو می‌شود. در این میان، بز مرخز یکی از نژادهای با ارزش ایران است و به‌عنوان یک حیوان چندمنظوره برای تولید گوشت، شیر و موهر پرورش داده می‌شود (Zamani & Almasi, 2017). جمعیت بز مرخز در سالیان اخیر به‌شدت کاهش یافته و یک نژاد در خطر انقراض محسوب می‌شود. مطالعات نشان داده‌اند که بازده تولیدمثل این نژاد در دهه‌های گذشته روندی منفی داشته است و برنامه‌های اصلاح نژادی برای بهبود ژنتیکی بازده تولیدمثل در این نژاد موفق نبوده‌اند (Abdoli et al., 2019). با این حال، روند ژنتیکی مثبتی برای صفات وزن بدن در بز مرخز برآورد شده است (Hosseinzadeh Shirzeyli et al., 2023). با توجه به بازده پایین عملکرد تولیدی و تولید مثلی بز مرخز، به‌نظر می‌رسد که بهبود بازده تولیدی و تولیدمثلی و افزایش سوددهی این نژاد، یکی از راه‌های افزایش انگیزه پرورش‌دهندگان و پیش‌گیری از انقراض این نژاد باشد. راندمان تولید و کیفیت فرآورده‌ها را می‌توان با پیشرفت‌های ژنتیکی و محیطی افزایش داد. صفات کمی عمدتاً به‌وسیله تعداد زیادی ژن دارای آثار افزایشی کنترل می‌شوند. با این حال، برخی ژن‌ها اثر قابل توجهی در پراکنش ژنتیکی صفات دارند که در اصطلاح، ژن‌های عمده نامیده می‌شوند و در کنار نشان‌گرهای ژنتیکی می‌توانند در انتخاب برای صفات مهم اقتصادی به‌کار برده شوند (Almasi et al., 2020). لذا، جستجو برای یافتن مناطق ژنومی مرتبط با صفات مهم اقتصادی، به‌ویژه

قطعات تکثیر شده، محصولات PCR روی ژل آگارز دو درصد به مدت یک ساعت با ولتاژ ۱۵۰ الکتروفورز شدند. چندشکلی فضایی تک‌رشته‌ای (SSCP): برای تعیین چندشکلی فضایی تک‌رشته‌ای بخش‌های تکثیر شده در فرآیند PCR، مقدار ۵ میکرولیتر از محصولات PCR با ۵ میکرولیتر بافر بارگذاری SSCP (برموفنیل‌بلو ۰/۰۵ درصد، زایلین سیانول ۰/۰۵ درصد، فرامید ۹۵ درصد و EDTA ۲۰ میلی‌مولار) مخلوط شدند. برای تک‌رشته‌ای شدن قطعات تکثیر شده، نخست، نمونه‌ها به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۹۸ درجه سلسیوس حرارت داده شدند و پس از آن، سریع به ظروف حاوی یخ منتقل شدند و به مدت ۵ دقیقه در یخ نگه داشته شدند. برای بررسی چندشکلی‌های SSCP، قطعه ۴۱۴ جفت بازی به مدت ۲۳ ساعت با ولتاژ ۲۶۰ و قطعه ۳۰۶ جفت بازی به مدت ۲۲ ساعت با ولتاژ ۲۵۰، هر دو در دمای ۱۰ درجه سلسیوس در ژل پلی‌اکریل‌امید ۸ درصد الکتروفورز شدند. برای این منظور از تانک الکتروفورز عمودی ساخت شرکت پایا پژوهش پارس، ایران (Paya Pajooesh Pars Co., Iran) استفاده شد. برای بررسی باندهای حاصل، از روش رنگ‌آمیزی با نیترا ت نقره ۰/۱ درصد استفاده شد (Sanguinetti et al., 1994).

تعیین توالی DNA: پس از رنگ‌آمیزی و شناسایی الگوهای باندهای به دست آمده از روش SSCP روی ژل اکریلامید، از هر الگوی SSCP، سه نمونه توالی‌یابی شدند. بدین منظور، مقدار ۲۰ میکرولیتر از محصولات PCR هر نمونه، همراه با آغازگرهای رفت و برگشت با غلظت ۱۰ پیکومول در میکرولیتر به شرکت Bioneer کره جنوبی (Bioneer Corporation, Korea) فرستاده شدند.

بررسی‌های بیوانفورماتیک: توالی‌های به دست آمده از الگوهای مختلف SSCP با روش Clustal W و با استفاده از بخش MegAlign نرم‌افزار DNASTar با توالی مرجع بز (ARS1: GCF_001704415.1)، توالی ژن *THRSP* بز با شماره ژن بانک XM_005699494.3 در پایگاه NCBI (ncbi.nlm.nih.gov) و توالی ENSCHIG00040005633 در پایگاه Ensembl (www.ensembl.org) مقایسه شدند. پس از شناسایی تغییرات و جهش‌های موجود در توالی‌های مورد نظر، ترجمه آنها به اسیدهای آمینه به وسیله بخش Translate tool سایت ExpASy (www.expasy.org) انجام شد.

نمونه‌گیری و استخراج DNA در این پژوهش، به طور تصادفی ۱۴۶ رأس بز ماده انتخاب شدند. از هر دام، ۵ میلی-لیتر نمونه خون از رگ وداچ گردن گرفته شد و در لوله‌های حاوی EDTA جمع‌آوری شد. نمونه‌ها در فلاسک یخ به آزمایشگاه منتقل شدند و تا زمان استخراج DNA در دمای ۲۰- درجه سلسیوس نگهداری شدند. برای استخراج DNA ژنومی از کیت DNP™ Kit شرکت سینازن (CinnaGen Co., Iran) استفاده شد. ارزیابی کیفیت و کمیت DNA استخراج شده با الکتروفورز روی ژل آگارز یک درصد و دستگاه نانودراپ (Thermo Fisher Scientific Inc., US) انجام شد.

آغازگرها و PCR با استفاده از نرم‌افزار برخط Primer3، دو جفت آغازگر برای تکثیر دو بخش ۳۰۶ و ۴۱۴ جفت بازی در اگزون ۲ ژن *THRSP* طراحی شدند. برای این منظور از توالی ژن *THRSP* بز با شماره ژن بانک NCBI (NCBI پایگاه XM_005699494.3 در (ncbi.nlm.nih.gov) و توالی ENSCHIG00040005633 در پایگاه Ensembl (www.ensembl.org) استفاده شد. توالی‌های آغازگرهای مورد استفاده به صورت زیر بودند:

قطعه ۳۰۶ جفت بازی:

(Forward): 5' GTTCACACTCCTATGCCTA 3'
(Reverse): 5' TTTATGGCTCATCAAGTCCGA 3'

قطعه ۴۱۴ جفت بازی:

(Forward): 5' TCGCTCCTCTCACTAGCTTG 3'
(Reverse): 5' GTCTCTGCTCAATAGGCAT 3'

آغازگرهای مورد استفاده به وسیله شرکت سینازن (CinnaGen Co, Iran) سنتز شدند. واکنش زنجیره‌ای پلی-مرز (PCR) با استفاده از دستگاه ترموسایکلر مدل Applied Biosystems انجام شد (Life technologies, USA). برنامه دمایی مورد استفاده برای هر دو قطعه شامل ۵ دقیقه واسرشته‌سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سلسیوس، ۳۵ چرخه شامل ۳۰ ثانیه واسرشته‌سازی در دمای ۹۵ درجه سلسیوس، ۴۵ ثانیه اتصال آغازگر در دمای ۵۷ درجه سلسیوس و ۴۵ ثانیه گسترش در دمای ۷۲ درجه سلسیوس و در پایان، ۵ دقیقه گسترش نهایی در دمای ۷۲ درجه سلسیوس بود. واکنش‌های PCR در حجم ۳۰ میکرولیتر، شامل ۱۵ میکرولیتر مسترمیکس ساخت شرکت امپلیکون (Ampliqon Co., Denmark)، سه میکرولیتر آغازگر با غلظت ۱۰ پیکومول در میکرولیتر، ۱/۵ میکرولیتر DNA و ۱۰/۵ میکرولیتر آب مقطر استریل انجام شدند. برای بررسی

در بررسی SSCP قطعات مورد بررسی، دو الگوی مختلف برای قطعه ۴۱۴ جفت بازی و سه الگوی مختلف برای قطعه ۳۰۶ جفت بازی مشاهده شد. در قطعه ۴۱۴ جفت بازی، هر دو الگو دارای سه باند در قسمت پایین و یکی از الگوها دارای یک باند اضافی در قسمت بالا بود (شکل ۲). در بخش ۳۰۶ با ترکیبی از سه باند مختلف، سه الگوی SSCP مشاهده شد به گونه‌ای که در الگوی ۱، باندهای ۲ و ۳، در الگوی ۲، هر سه باند و در الگوی ۳، باندهای ۱ و ۳ مشاهده شدند (شکل ۳).

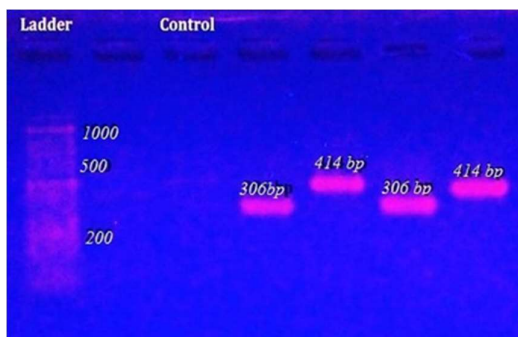


Fig. 1. Electrophoresis of PCR products of two 306 and 414 bp fragments in 2% agarose gel

شکل ۱- الکتروفورز محصولات PCR قطعات ۴۱۴ و ۳۰۶ جفت بازی در ژل آگارز دو درصد

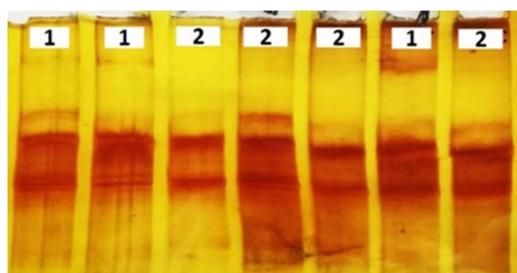


Fig. 2. Two SSCP patterns in vertical electrophoresis of PCR products of the 414 bp fragment

شکل ۲- دو الگوی SSCP در الکتروفورز عمودی محصولات PCR قطعه ۴۱۴ جفت بازی

با توالی‌یابی قطعات مورد بررسی و مقایسه آن‌ها با توالی شماره XM_005699494.3 ژن بانک، در قطعه ۴۱۴ جفت بازی، یک چندشکلی و در قطعه ۳۰۶ جفت بازی، دو چندشکلی یافت شد. چندشکلی قطعه ۴۱۴ جفت بازی به صورت جهش C به T (CHR 29. g.17430527 C>T) و چندشکلی‌های قطعه ۳۰۶ به صورت جهش G به A در

تجزیه‌های آماری: فراوانی‌های آلی و ژنوتیپی با روش شمارش محاسبه شدند و تفاوت فراوانی‌های ژنوتیپی مشاهده‌شده با فراوانی‌های مورد انتظار در تعادل هاردی-واینبرگ با آزمون کای‌اسکور (Zamani, 2020) مورد مقایسه قرار گرفت.

ارتباط ژنوتیپ‌های مشاهده‌شده در بخش‌های مورد بررسی با صفات وزن بدن، شامل وزن تولد، وزن از شیرگیری، افزایش وزن پیش از شیرگیری، وزن ۶ ماهگی، افزایش وزن پیش از ۶ ماهگی، وزن ۹ ماهگی، افزایش وزن پیش از ۹ ماهگی، وزن یک‌سالگی و افزایش وزن پیش از یک سالگی با استفاده از مدل خطی عمومی زیر بررسی شد:

$$Y_{ijkl} = \mu + G1_i + G2_j + G3_k + BY_l + BT_m + A_n + e_{ijklmno}$$

در این مدل، Y_{ijkl} ارزش فنوتیپی صفات مورد بررسی، μ اثر میانگین کلی، $G1_i$ ، $G2_j$ و $G3_k$ ، به ترتیب، آثار ژنوتیپ‌های i ، j و k ام سه جایگاه چندشکل یافت شده در بخش‌های مورد بررسی، BY_l اثر سال تولد l ام (۵ سطح)، BT_m اثر نوع تولد (۱ و ۲-۳)، A_n اثر سن مادر (۲، ۳، ۴، ۵ و ۶-۷ سال) و $e_{ijklmno}$ آثار باقی‌مانده هستند.

میانگین‌های کمترین مربعات با سطح خطای برابر با ۰/۰۵ و با آزمون t مقایسه شدند. خطای استاندارد میانگین‌ها به صورت ریشه دوم نسبت میانگین مربعات خطا به میانگین هم‌هنگ تعداد تکرارها محاسبه شد (Zamani, 2020). با توجه به عدم توزیع نرمال صفت تعداد بره در هر زایش، ارتباط این صفت با ژنوتیپ‌های مشاهده‌شده در هر جایگاه، به صورت جداگانه و با آزمون ناپارامتری ویلکوکسون مورد بررسی قرار گرفت. تجزیه‌های آماری، شامل آزمون کای‌اسکور برای بررسی تعادل هاردی-واینبرگ با رویه $FREQ$ ، تجزیه مدل خطی عمومی و مقایسه میانگین‌های کمترین مربعات با رویه GLM و آزمون ناپارامتری کراسکال-والیس با رویه $NPAR1WAY$ نرم‌افزار SAS ویرایش ۹/۴ (SAS Institute, 2014) انجام شدند.

نتایج

نتایج الکتروفورز و ناندراپ نمونه‌های DNA کیفیت خوب DNAهای استخراج شده را نشان داد. الکتروفورز محصولات PCR روی ژل آگارز دو درصد نیز نشان‌دهنده تکثیر هر دو قطعه مورد بررسی بود. نتایج الکتروفورز قطعات ۴۱۴ و ۳۰۶ جفت بازی در ژل آگارز دو درصد در شکل ۱ نشان داده شده است.

হারدى-واينبرگ بود ($P < 0.01$)، در حالى كه فراوانى‌هاى مشاهده شده در جايگاه $\text{CHR 29. g.17430307 C>T}$ تفاوت معنيدارى با فراوانى‌هاى مورد انتظار در تعادل هاردى-واينبرگ نداشتند ($P > 0.05$).

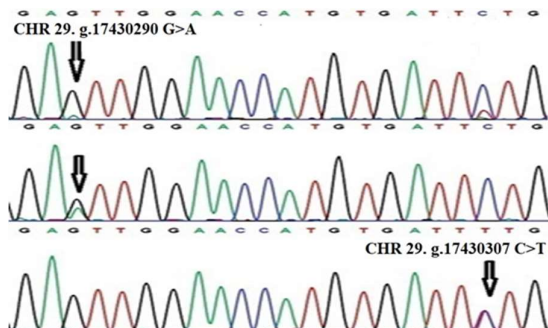


Fig. 5. Single-nucleotide polymorphisms of CHR 29. g.17430290 G>A and CHR 29. g.17430307 C>T in the 306 bp fragment

شکل ۵- چندشکلى‌هاى تک‌نوکلئوتيدى CHR 29. g.17430307 C>T و g.17430290 G>A در قطعه ۳۰۶ جفت‌بازى

در بررسى توالى اسيدهاى آمينه گذشته و مقايسه آن‌ها با توالى پلي‌پپتيدى گذشته به‌وسيله توالى مرجع شماره XM_005699494.3 ژن بانک و توالى *THRSP* بز در پایگاه Ensembl (ENSCHIG00040005633) مشاهده شد كه با وجود قرار گرفتن جهش‌هاى شناسايى شده اين پژوهش در اگزون ۲ *THRSP*، هيچ يك از جهش‌هاى مشاهده شده در محصول پلي‌پپتيدى نهايى اين ژن (توالى XP_005699551.2 در پایگاه NCBI) قرار ندارند.

نتايج بررسى ارتباط ژنوتيب‌هاى مشاهده شده با صفات مورد بررسى، شامل وزن تولد (BW0)، وزن از شيرگيرى (BW3)، افزايش وزن پيش از شيرگيرى (ADG3)، وزن ۶ ماهگى (BW6)، افزايش وزن پيش از ۶ ماهگى (ADG6)، وزن ۹ ماهگى (BW9)، افزايش وزن پيش از ۹ ماهگى (ADG9)، وزن يك‌سالگى (BW12)، افزايش وزن پيش از يك سالگى (ADG12) و تعداد فرزند در هر زايش (LS) در جدول ۲ نشان داده شده‌اند. در اين بررسى، هيچ يك از ژنوتيب‌هاى مشاهده شده ارتباط معنيدارى با صفات مورد بررسى نداشتند.

جايگاه $\text{CHR 29. g.17430290 G>A}$ و جهش C به T در جايگاه $\text{CHR 29. g.17430307 C>T}$ بودند.

در قطعه ۴۱۴ جفت‌بازى، دو ژنوتيب CC و CT و در قطعه ۳۰۶ جفت‌بازى، سه ژنوتيب GA/CC، GA/CT، و GG/CT مشاهده شدند. وضعيت ژنوتيب‌هاى مشاهده شده قطعات ۴۱۴ و ۳۰۶ جفت‌بازى در توالى‌يابى به‌ترتيب در شکل‌هاى ۴ و ۵ نشان داده شده‌اند.

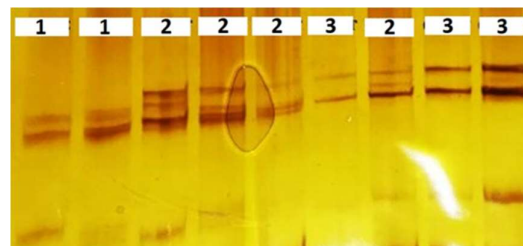


Fig. 3. Three SSCP patterns in vertical electrophoresis of PCR products of the 306 bp fragment

شکل ۳- سه الگوى SSCP در الکتروفورز عمودى محصولات PCR قطعه ۳۰۶ جفت‌بازى

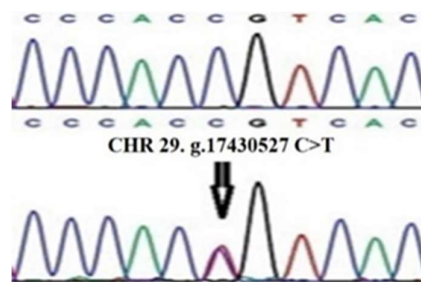


Fig. 4. Single-nucleotide polymorphism of CHR 29. g.17430527 C>T in the 414 bp fragment

شکل ۴- چندشکلى تک‌نوکلئوتيدى CHR 29. g.17430527 C>T در قطعه ۴۱۴ جفت‌بازى

فراوانى‌هاى آللى و ژنوتيبى چندشکلى‌هاى مشاهده شده در قطعات مورد بررسى در جدول ۱ نشان داده شده‌اند. همان‌گونه كه در جدول ۱ مشاهده مى‌شود، در هر يك از جايگاه‌هاى چندشکل مشاهده شده، تنها دو ژنوتيب وجود داشتند به‌گونه‌اى كه در جايگاه‌هاى CHR 29. g.17430527 C>T و CHR 29. g.17430290 G>A، به‌ترتيب ژنوتيب‌هاى TT، AA و مشاهده نشدند. آزمون كاي‌اسكور نشان‌دهنده تفاوت معنيدار فراوانى‌هاى ژنوتيبى مشاهده شده در جايگاه‌هاى CHR 29. g.17430527 C>T و CHR 29. g.17430290 G>A با فراوانى‌هاى مورد انتظار در تعادل

جدول ۱- فراوانی‌های آلی و ژنوتیپی مشاهده شده در قطعات مورد بررسی
Table 1. Allelic and genotypic frequencies observed in the studied fragments

SNP	Genotypes	Frequency	Alleles	Frequency	HWE p
CHR 29. g.17430527 C>T	CC	0.26	C	0.63	<0.0001
	CT	0.74	T	0.37	
CHR 29. g.17430290 G>A	GG	0.13	G	0.57	<0.0001
	GA	0.87	A	0.43	
CHR 29. g.17430307 C>T	CC	0.69	C	0.85	0.0780
	CT	0.31	T	0.15	

HWE p: Hardy-Weinberg exact test *P*-value

جدول ۲- میانگین‌های کمترین مربعات و ارتباط صفات مورد بررسی با ژنوتیپ‌های مشاهده شده
Table 2. Least-squares means and association of the studied traits with the observed genotypes

Genotype	BW0 (kg)	BW3 (kg)	BW6 (kg)	BW9 (kg)	BW12 (kg)	ADG3 (g/d)	ADG6 (g/d)	ADG9 (g/d)	ADG12 (g/d)	LS
SNP1										
CC	2.24	9.53	14.51	14.85	16.92	81.35	68.39	46.87	40.33	1.07
CT	2.35	9.30	14.55	14.47	16.81	77.57	67.74	44.85	39.59	1.17
SEM	0.066	0.367	0.442	0.399	0.497	4.10	2.474	1.424	1.318	-
<i>P</i> -value	0.284	0.684	0.955	0.523	0.883	0.540	0.812	0.345	0.708	0.385
SNP2										
GG	2.30	9.52	14.43	15.13	17.15	80.19	67.24	47.45	40.62	1.07
GA	2.28	9.31	14.63	14.19	16.58	78.73	68.89	44.27	39.29	1.24
SEM	0.081	0.467	0.550	0.497	0.618	5.214	3.081	1.773	1.640	-
<i>P</i> -value	0.867	0.770	0.806	0.223	0.552	0.856	0.727	0.248	0.600	0.144
SNP3										
CC	2.24	9.27	14.81	14.91	17.25	78.300	69.85	46.94	41.16	1.09
CT	2.34	9.56	14.25	14.42	16.47	80.625	66.27	44.78	38.76	1.00
SEM	0.103	0.572	0.673	0.608	0.756	6.382	3.766	2.168	2.004	-
<i>P</i> -value	0.524	0.744	0.597	0.604	0.505	0.814	0.541	0.522	0.442	0.440

SNP1: CHR 29. g.17430527 C>T; SNP2: CHR 29. g.17430290 G>A; SNP3: CHR 29. g.17430307 C>T; BW0, BW3, BW6, BW9 and BW12: Body weights at birth and 3, 6, 9, and 12 months of age, respectively; ADG3, ADG6, ADG9, and ADG12: Average daily gains from birth to 3, 6, 9, and 12 months of age, respectively; LS: Litter size.

بحث

نشان داده‌اند که ژن *THRSP* می‌تواند روی سوخت و ساز چربی در طیور تاثیرگذار باشد و چندشکلی‌های تک-نوکلئوتیدی این ژن می‌توانند در انتخاب با کمک نشان‌گرها به‌عنوان نشان‌گر ژنتیکی برای صفات رشد به‌کار برده شود (Zhou et al., 2011).

مشاهده شده است که ژن *THRSP* در مرغ به‌صورت تکرار شده وجود دارد و دو پارالوگ موجود، شامل *THRSPα* و *THRSPβ*، هر دو دارای چندشکلی هستند و چندشکلی‌های *THRSPα* با ذخیره چربی شکمی در آمیخته‌های جوجه گوشتی «لگهورن» در ارتباط بوده است (Wang et al., 2004). در خوک نیز چندشکلی‌های موجود در ناحیه

پژوهش‌های خوبی روی چندشکلی ژن *THRSP* در حیوانات اهلی انجام شده‌اند. در پژوهشی روی بزهای سانن، این ژن بیشترین بیان را در چربی زیر پوستی و پس از آن در ماهیچه و کبد داشت (Yao et al., 2016). این الگو در پژوهش دیگری روی گاو نیز مشاهده شده است (Harvatine & Bauman, 2006). همچنین، مشاهده شده است که بیان این ژن در دوره شیردهی، بالاتر از دوره خشکی است (Yao et al., 2016). در انسان، ژن *THRSP* با چاقی و رشد و تمایز سلول‌های سرطانی پستان مرتبط است (Sanchez-Rodriguez et al., 2005). پژوهش‌ها

مشاهده شد. این چندشکلی، ارتباط معنی‌داری با اسیدهای چرب پالمیتیک و استئاریک و اسیدهای چرب با طول ۱۴، ۱۶ و ۱۶-۶ در نژاد جرسی و اسیدهای چرب کاپروئیک، پالمیتیک، میریستولئیک و پالمیتولئیک در نژاد هلشتاین داشت. در این پژوهش، توانایی این چندشکلی به‌عنوان نشانگر ترکیب اسیدهای چرب در شیر گاو پیشنهاد شد (Polasik et al., 2021). در یک پژوهش روی بزهای مرخز، دو چند شکلی در اگزون ۱ *THRSP* مشاهده شد که هیچ یک ارتباطی با صفات وزن بدن نداشتند (Ghasemi et al., 2022).

در بررسی منابع، گزارشی در خصوص ارتباط ژن *THRSP* با صفات تولیدمثلی یافت نشد. هرچند، در پژوهشی روی مرغ پیشنهاد شد که *THRSP* به‌طور مستقیم تحت تأثیر استروژن قرار می‌گیرد و در شبکه تنظیمی استروژن مرغ دخالت دارد (Ren et al., 2017). در پژوهش انجام شده روی بزهای مرخز، دو چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی مشاهده شده در اگزون ۱ *THRSP* ارتباط معنی‌داری با نرخ چندقلو‌زایی داشتند، به‌گونه‌ای که میزان چندقلو‌زایی در افراد دارای ژنوتیپ هتروزیگوت دوگانه به‌طور معنی‌داری بالاتر از افراد دارای ژنوتیپ هموزیگوت دوگانه بود. در آن پژوهش، ژن *THRSP* به‌عنوان یک ژن کاندید برای تعداد فرزند در هر زایش پیشنهاد شد (Ghasemi et al., 2022). نقش ژن‌های عمده بر نرخ باروری و چندقلو‌زایی به‌طور گسترده به‌وسیله محققین مختلف مورد توجه قرار گرفته است (Abdoli et al., 2016; Abdoli et al., 2018; Mokhtari et al., 2021). اثر احتمالی ژن *THRSP* بر باروری ممکن است ناشی از نقش آن در سوخت و ساز چربی باشد (Ghasemi et al., 2022). به‌بیان دیگر، سوخت و ساز چربی‌ها با میزان باروری در ارتباط است و افزایش ذخیره چربی می‌تواند سبب کاهش باروری شود (Hansen et al., 2013).

چندشکلی‌های مشاهده در پژوهش حاضر پیش‌تر در هیچ یک از جمعیت‌های بز گزارش نشده‌اند، لذا می‌توان آنها را به‌عنوان جهش‌های جدید این ژن در بز معرفی نمود. همچنین، هیچ یک از جهش‌های یافت شده، اثر معنی‌داری بر صفات مورد بررسی در این پژوهش، شامل صفات وزن بدن، رشد و چندقلو‌زایی نداشتند. عدم تأثیر جهش‌های مشاهده شده در این پژوهش بر صفات تولیدی و تولیدمثلی مورد بررسی ناشی از عدم تأثیر آنها بر توالی محصول

تنظیمی 5' ژن *THRSP* با صفات رشد و لاشه، مانند ضخامت چربی پشت، افزایش وزن روزانه و مساحت راسته در ارتباط بوده‌اند (Wang et al., 2020). در پژوهشی روی دو نژاد هندی Malabari و Attapady Black، دو بخش از اینترون ۱ و اگزون ۲ *THRSP* مورد مطالعه قرار گرفت و نتایج به‌دست آمده، دو چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی را در اینترون ۱ این ژن نشان دادند (Behera et al., 2018). نقش پروتئین کد شده به‌وسیله ژن *THRSP* در فرآیند لیپوژنز (چربی‌سازی) مورد توجه پژوهشگران قرار گرفته است (Zhou et al., 2011). در پژوهشی روی موش مشاهده شد که ژن *THRSP* در تنظیم چاقی ایجاد شده در اثر جیره مؤثر است و حذف *THRSP* سبب بهبود مقاومت به گلوکز وابسته به سن شد (Anderson et al., 2009). در مطالعه‌ای روی گوسفندان دم‌دار و دنبه‌دار مشاهده شد که ژن *THRSP* در فرآیند لیپوژنز گوسفندان دنبه‌دار نقش دارد (Sun et al., 2021).

پژوهش‌های محدودی در رابطه با چندشکلی ژن *THRSP* و ارتباط آن با صفات تولیدی در بز انجام شده است. در مطالعه‌ای روی ۶۱۰ رأس بز از سه نژاد سان زینانگ، گوآنگ ژونگ و بوئر نیز چندشکلی‌های مشاهده شده در یکی از جایگاه‌های چندشکل در اینترون ۱ این ژن با صفات رشد شامل وزن بدن، ارتفاع جدوگاه، طول بدن و ابعاد سینه در ارتباط بودند (An et al., 2012). در پژوهشی روی هفت نژاد بزهای بومی چین، سه جایگاه چندشکل در ناحیه تنظیمی 5' و اگزون ۱ ژن *THRSP* به‌صورت نه ژنوتیپ مختلف مشاهده شدند و نتایج به‌دست آمده نشان‌دهنده ارتباط احتمالی چندشکلی‌های مشاهده شده با عوامل اکولوژیکی مورد بررسی و چربی‌سازی بودند (Chen et al., 2012). نقش *THRSP* در افزایش اسیدهای چرب غیراشباع و زنجیر متوسط در سلول‌های پستان بز نیز گزارش شده است (Yao et al., 2016). با این حال، در پژوهشی نشان داده شد که *THRSP* در هسته سلول‌های چربی بیان زیادی دارد در حالی که در سلول‌های ماهیچه‌ای بیان نمی‌شود، به‌علاوه بیان آن در سلول‌های چربی بالغ بالاتر از مراحل اولیه است. بر اساس این نتایج پیشنهاد شد که افزایش بیان *THRSP* نتیجه‌ای از تعداد بالای سلول‌های چربی است نه عامل ایجادکننده آن (Schering et al., 2017).

در پژوهشی روی ۲۲۴ گاو شیرده جرسی و هلشتاین، یک چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی در اگزون ۱ ژن *THRSP*

نتیجه‌گیری کلی

در این پژوهش، سه چندشکلی چندنوکلئوتیدی در اگزون ۲ ژن *THRSP* در بز مرخز به صورت CHR 29. g.17430527 C>T و CHR 29. g.17430290 G>A و CHR 29. g.17430307 C>T تشخیص داده شدند. هیچ‌یک از چندشکلی‌های مشاهده‌شده در این پژوهش، ارتباط معنی‌داری با صفات وزن بدن و چندقلوزایی نداشتند. به نظر می‌رسد که برای یافتن چندشکلی‌های مرتبط با صفات تولیدی و تولیدمثلی باید پژوهش‌های بیشتری روی ژن‌های عمده دیگر در این نژاد انجام شود. همچنین، پیشنهاد می‌شود که پژوهش‌های دیگری روی نژادهای دیگر دارای اندازه مؤثر جمعیت بالا انجام شود.

تشکر و قدردانی

این پژوهش با استفاده از بودجه پژوهش دانشگاه بوعلی سینا، همدان انجام شد. از همکاری اعضای محترم هیات علمی دانشگاه کردستان و کارشناسان و پرسنل محترم ایستگاه تحقیقاتی بز مرخز، بابت هماهنگی و همکاری و در فرآیند نمونه‌گیری و جمع‌آوری رکوردها، صمیمانه سپاسگزاریم.

پلی‌پتیدی نهایی این ژن است. با این حال، فراوانی‌های ژنوتیپی مشاهده‌شده در جایگاه‌های CHR 29. g.17430527 C>T و CHR 29. g.17430290 G>A با فراوانی‌های مورد انتظار در تعادل هاردی-واینبرگ همخوانی نداشتند (جدول ۱). عدم تعادل هاردی-واینبرگ در جایگاه‌های یاد شده را می‌توان به اثر نمونه‌گیری یا پراش ژنتیکی ناشی از اندازه کوچک جمعیت در بز مرخز نسبت داد. هرچند، ممکن است این جهش‌ها بر فرآیند پیرایش RNA و بیان ژن نیز تأثیرگذار باشند که بررسی این موضوع نیازمند پژوهش‌های بیشتر است.

با توجه به محدودیت شدید اندازه جمعیت باقی‌مانده بز مرخز در استان کردستان، نمونه‌های مورد استفاده در این پژوهش، بخش قابل توجهی از جمعیت موجود بز مرخز در زمان نمونه‌گیری را تشکیل می‌دادند. بنابراین، انجام پژوهش روی افراد متفاوت بز مرخز برای اطمینان از نتایج حاضر، پیشنهاد نمی‌شود. با این حال، برای شناسایی سایر جهش‌های سببی احتمالی مؤثر بر صفات تولیدی و تولیدمثلی در بز می‌توان پژوهش‌های مشابهی را روی نژادهای دیگر با اندازه جمعیت بزرگتر یا با روش نمونه‌گیری دو دامنه انجام داد.

فهرست منابع

- Abdoli, R., Mirhoseini, S. Z., Ghavi Hossein-Zadeh, N., & Zamani, P. (2018). Screening for causative mutations of major prolificacy genes in Iranian fat-tailed sheep. *International Journal of Fertility and Sterility*, 12(1), 51-55.
- Abdoli, R., Zamani, P., Mirhoseini, S. Z., Ghavi Hossein-Zadeh, N., & Almasi, M., (2019). Genetic parameters and trends for litter size in Markhoz goats. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 32, 58-63.
- Abdoli, R., Zamani, P., Mirhoseini, S. Z., Ghavi Hossein-Zadeh, N., & Nadri, S. (2016). A review on prolificacy genes in sheep. *Reproduction in Domestic Animals*, 51(5), 631-637. doi: 10.1111/rda.12733
- Almasi, M., Zamani, P., Mirhoseini, S. Z., & Moradi, M. H. (2020). Genome-wide association study of weaning traits in Lori-Bakhtiari sheep. *Annals of Animal Science*, 20, 811-824. doi: 10.2478/aoas-2020-0014
- An, X., Zhao, H., Bai, L., Hou, J., Peng, J., Wang, J., Song, Y., & Cao, B. (2012). Polymorphism identification in the goat *THRSP* gene and association analysis with growth traits. *Animal Biology*, 55, 78-83. doi: 10.5194/aab-55-78-2012
- Anderson, G. W., Zhu, Q., Metkowsky, J., Stack, M. J., Gopinath, S., & Mariash, C. N. (2009). The *Thrsp* null mouse (*Thrsp*(tmlcnm)) and diet-induced obesity. *Molecular and Cellular Endocrinology*, 302, 99-107. doi: 10.1016/j.mce.2009.01.005
- Behera, A., Venkatachalapathy, R. T., & Aravindakshan, T. V. (2018). Identification of novel single nucleotide polymorphism at thyroid hormone responsive (*THRSP*) gene of native goat breeds of India, *Small Ruminant Research*, 163, 68-71. doi: 10.1016/j.smallrumres.2017.07.006
- Chen H. Q., Qin, J., Zhu, Y. J., Pan, Z. T., Xie, Y. N., Jiao, M. H., Chen, G. W., Chen, H., & Chu, M. X. (2012). The polymorphisms of goat *THRSP* gene associated with ecological factors in Chinese indigenous goat breeds with different lipogenesis ability. *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances*, 7(9), 802-811. doi: 10.3923/ajava.2012.802.811
- Ghasemi, M., Zamani, P., Abdoli, R., & Moradalian, A. (2022). Association of the *THRSP* gene exon 1 polymorphism with body weight trait and litter size in Markhoz goats. *Animal Production Research*, 11(2), 81-92. doi: 10.22124/AR. 2022. 21423.1679 [In Persian]

- Hansen, M., Flatt, T., & Aguilaniu, H. (2013). Reproduction, fat metabolism, and life span: what is the connection? *Cell Metabolism*, 17, 10-19. doi: 10.1016/j.cmet.2012.12.003
- Harvatine, K. J., & Bauman, D. E. (2006). *SREBP1* and thyroid hormone responsive spot 14 (*SI4*) are involved in the regulation of bovine mammary lipid synthesis during diet-induced milk fat de-pression and treatment with CLA. *Journal of Nutrition*, 136, 2468-2474. doi: 10.1093/jn/136.10.2468
- Hosseinzadeh Shirzeyli, F., Joezy-Shekalgorabi, S., Aminafshar, M., & Razmkabir, M. (2023). The estimation of genetic parameters and genetic trends for growth traits in Markhoz goats, *Small Ruminant Research*, 218, 106886. doi: 10.1016/j.smallrumres.2022.106886
- Mokhtari, Z., Ahmadi, A., Zamani, P., Talebi, R., & Ghafari, M. R. (2021). Association of novel polymorphisms in follicle stimulating hormone beta (*FSHβ*) gene with litter size in Mehraban sheep. *Journal of Livestock Science and Technologies*, 9(2), 21-29. doi: 10.22103/jlst.2021.17460.1365
- Polasik, D., Golińczak, J., Proskura, W., Terman, A., & Dybus, A. (2021). Association between *THRSP* gene polymorphism and fatty acid composition in milk of dairy cows. *Animals*, 11(4), 1144. doi: 10.3390/ani11041144
- Ren, J., Xu, N., Zheng, H., Tian, W., Li, H., Li, Z., Wang, Y., Tian, Y., Kang, X., & Liu, X. (2017). Expression of thyroid hormone responsive SPOT 14 gene is regulated by estrogen in chicken (*Gallus gallus*). *Scientific Reports*, 7(1), 10243. doi: 10.1038/s41598-017-08452-6
- Sanchez-Rodriguez, J., Kaninda-Tshilumbu, J.P., Santos, A., & Perez-Castillo, A. (2005). The spot 14 protein inhibits growth and induces differentiation and cell death of human MCF-7 breast cancer cells. *Biochemical Journal*, 390, 57-65. doi: 10.1042/BJ20042080
- Sanguinetti, C. J., Dias Neto, E., & Simpson, A. J. (1994). Rapid silver staining and recovery of PCR products separated on polyacrylamide gels. *BioTechniques*, 17, 914-921.
- SAS Institute. (2014). Users Guide, Version 9.4: Statistics. SAS Institute, Cary, NC, USA.
- Schering, L., Albrecht, E., Komolka, K., Kühn, C., & Maak, S. (2017). Increased expression of thyroid hormone responsive protein (THRSP) is the result but not the cause of higher intramuscular fat content in cattle. *International Journal of Biological Sciences*, 13, 532-544. doi: 10.7150/ijbs.18775
- Sun, Q., Liu, Q., Di, R., Wang, Y., Gan, S., Liu, S., Wang, X., Hu, W., Cao, X., Pan, Zh., Guo, X., Yang, Y., Rushdi, H. E., & Chu, M. (2021). Polymorphism and comparative expression analysis of THRSP gene in fat-tailed and thin-tailed sheep breeds. *Pakistan Journal of Zoology*, 53, 545-553. doi: 10.17582/journal.pjz/20190822070832
- Tavakolian, J. (2000). An introduction to genetic resources of native farm animals in Iran. Animal Science Genetic Research Institute Press, Tehran, Iran. [In Persian]
- Wang, X. F., Carre, W., Zhou, H. J., Lamont, S. J., & Cogburn, L. A. (2004). Duplicated Spot 14 genes in the chicken: characterization and identification of polymorphisms associated with abdominal fat traits. *Gene*, 332, 79-88. doi: 10.1016/j.gene.2004.02.021
- Wang, X., Cheng, J., Qin, W., Chen, H., Chen, G., Shang, X., Zhang, M., Balsai, N., & Chen, H. (2020). Polymorphisms in 5' proximal regulating region of *THRSP* gene are associated with fat production in pigs. *3 Biotech*, 10, 267. doi: 10.1007/s13205-020-02266-6
- Yao, D. W., Luo, J., He, Q. Y., Wu, M., Shi, H. B., Wang, H., Wang, M., Xu, H. F., & Looor, J. J. (2016). Thyroid hormone responsive (*THRSP*) promotes the synthesis of medium-chain fatty acids in goat mammary epithelial cells. *Journal of Dairy Science*, 99, 3124-3133. doi: 10.3168/jds.2015-10632
- Zamani, P. (2020). Statistical designs in animal sciences (with SAS software instructions). Third edition. Bu-Ali Sina University Publication, Hamedan, Iran. [In Persian]
- Zamani, P., & Almasi, M. (2017). Estimation of autosomal and sex-linked heritabilities for growth related traits in Markhoz breed of goats. *Iranian Journal of Animal Science*, 48(1), 109-117. doi: 10.22059/ijas.2017.226913.653501 [In Persian]
- Zhan, K., Hou, Z.C., Li, H. F., Xu, G. Y., Zhao, R., & Yang, N. (2006). Molecular cloning and expression of the duplicated thyroid hormone responsive spot 14 (*THRSP*) genes in duck. *Poultry Science*, 85(10), 1746-1754. doi: 10.1093/ps/85.10.1746
- Zhou, Q. Q., Chen, H. Q., Wei, H. Q., Qin, J., Chen, H., & Zhang, Y. P. (2011). Association of polymorphism in the coding region of *THRSP* gene with lipogenesis capability in pigs. *Progress in Biochemistry and Biophysics*, 38, 84-90. doi: 10.3724/SP.J.1206.2010.00419