دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

اثر چند شکلی ژن STAT5A بر صفات تولید شیر در گاوهای نر هلشتاین

م. صادقی[۱]، م. مرادی شهربابک[۲]، ق. رحیمی میانجی[۳] و ا. نجاتی جوارمی[۲]

چکیده

مبدل سیگنال و فعال کننده نسخه برداری (STAT5A) به دلیل دخالت در توسعه غده پستان و نقش اصلی در انتقال سیگنال‌های پرولاکتین و فعال نمودن نسخه‌برداری ژن‌های پروتئین شیر در پاسخ به پرولاکتین، به عنوان یک ژن کاندیدای تولید شیر مطرح است. در این مطالعه به منظور بررسی اثر چند شکلی ژن STAT5A بر ارزش اصلاحی صفات تولید شیر، نمونه‌های اسپرم ۱۳۴ گاو نر پروف شده از مرکز اصلاح نژاد دام کشور تهیه و بعد از استخراج DNA، یک قطعه ۲۱۵ جفت بازی از اگزون ۷ ژن STAT5A تکثیر شد. محصول واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با آنزیم برشی *Ava*I هضم شد. فراوانی ژنوتیپ‌های CC و TC به ترتیب ۰/۷۳۹ و ۰/۲۶۱ و فراوانی آلل‌های T و C به ترتیب ۰/۱۳۱ و ۰/۸۶۹ محاسبه شد. ارزش اصلاحی گاوهای نر با استفاده از مدل حیوانی تک صفتی و الگوریتم AIREML و از طریق نرم‌افزار MATVEC برآورد گردید. توزیع فراوانی ژنوتیپ‌ها در تعادل هاردی- وینبرگ قرار داشت. تفاوت حداقل میانگین مربعات ارزش‌های اصلاحی بین دو ژنوتیپ در تولید پروتئین شیر معنی‌دار بود ($P<۰/۰۱۶$) و ژنوتیپ TC پروتئین بالاتری تولید کرد. در بقیه صفات تولید شیر تفاوت حداقل میانگین مربعات معنی‌دار نبود. با توجه به نتایج به دست آمده می‌توان استنباط نمود که چند شکلی در ژن STAT5A می‌تواند به عنوان یک نشانگر موثر در افزایش تولید پروتئین شیر مورد توجه قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: ارزش اصلاحی، هلشتاین ایران، ژن STAT5A، چند شکلی

۱- استادیار دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران
۲- استاد دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران
۳- استاد دانشکده علوم دامی و شیلات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

مقدمه

صفات تولید شیر از صفات مهم اقتصادی در صنعت پرورش گاوهای شیری است و توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود. اصلاح‌کنندگان در طول سالیان متمادی از طریق انتخاب کلاسیک به پیشرفت‌های قابل توجهی دست یافته‌اند، ولی سرعت پیشرفت ژنتیکی در سال به ویژه برای گونه‌های با فاصله نسل طولانی نظیر گاوهای شیری آهسته است. فناوری‌های جدید در زمینه زیست شناسی و ژنتیک مولکولی دانشمندان را قادر ساخته است که به پیشرفت‌های قابل ملاحظه‌ای در بهبود صحت و راندمان انتخاب کلاسیک با کاربرد مارکرهای ژنتیکی دست یابند (۳). از آن‌جائی که این مارکرهای ژنتیکی در هر جایی از ژنوم می‌توانند واقع شوند، پیدا کردن مارکرهای مفید در طول ژنوم بسیار مشکل خواهد بود. برای حل این مشکل، می‌توان روی نقاطی که اصطلاحاً ژن کاندیدا نامیده می‌شوند، متمرکز شد (۷). ژن‌های کاندیدا ژن‌هایی هستند که نقش آنها در عملکرد صفات مورد نظر به اثبات رسیده است. مبدل سیگنال و فعال کننده نسخه‌برداری (STAT5A)[1] عضوی از خانواده فاکتورهای نسخه‌برداری است و نقش کلیدی در انتقال سیگنال از هورمون پرولاکتین به ژن‌های پروتئین شیر دارد (۱۲). این پروتئین به عنوان میانجی‌گر اصلی انتقال سیگنال‌های هورمون رشد به ژن‌های هدف شناخته شده است. STAT5A به توالی‌های GAS واقع در پروموتور ژن‌های پروتئین شیر اتصال یافته و نسخه‌برداری این ژن‌ها را فعال می‌نماید (۲). با توجه به وظایف ذکر شده، STAT5A می‌تواند به عنوان یک ژن کاندیدای تولید پروتئین و چربی مطرح باشد. STAT5 دو فرم ایزومری A و B دارد که به وسیله دو ژن جداگانه کنترل می‌شوند. تفاوت این دو ایزومر در تعدادی از اسیدآمینه‌های پایانه کربوکسیلی زنجیره پروتئین است. STAT5A در گاو روی کروموزوم ۱۹ و در کنار ژن‌های STAT3، STAT5B تعیین نقشه شده است (۱۱). ساختار ژن STAT5A پیچیده بوده و شامل ۱۹ اگزون بوده و شماره‌های دسترسی در بانک ژن شامل AY280369، AJ242522، AJ237937 و AY961374 می باشد (۶). فعالیت اتصال ژن STAT5A به رشته DNA اولین بار در غده پستان مشاهده شد و به همین دلیل STAT5A به فاکتور غده پستان (MGF)[2] نیز معروف است (۱). آزمایشات تخریب ژن، نقش STAT5A را در توسعه سیستم پستانی و شیردهی به اثبات رسانده است. غلظت STAT5A به وسیله شیردهی، آبستنی، تیمار هورمونی و فرکانس شیردوشی تنظیم می‌شوند (۷). مطالعات نشان داده است که در گاوهای با دو بار شیردوشی نسبت به یک بار شیردوشی در روز بیان ژن STAT5A بیشتر است. مک‌کراکان و همکاران (۸) تکرارهای با طول متفاوت TG را درون اینترون ۱۲ گزارش نمودند. حذف CCT در اینترون ۱۵ و جانشینی T/C در موقعیت ۱۲۷۴۳ در اگزون ۱۶ گزارش شده است (۶).

1- Signal Transducer and activator of Transcription

2- Mammary Gland Factor

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

جایگزینی سیتوزین با تیمین توسط آنزیم برشی *Ava*I در اگزون ۷ و در نوکلئوتید ۶۸۵۳ قابل شناسائی است. این موتاسیون باعث تغییر رمز CCC به CCT می‌شود (۵ و ۶). فراوانی آلل C در گاوهای سیاه و سفید لهستان ۰/۸۳، قرمز لهستان ۰/۷۳، شارولە ۰/۸۶، لیموزین ۰/۸۷۵، آنگوس ۰/۸۵، هرفورد ۰/۹۳۵ و سمینتال ۰/۸۱ گزارش شد و ژنوتیپ‌های TT فقط در نژادهای بومی لهستان مشاهده شد (۶). حیوانات CC وزن زنده بیشتر در سن ۹ و ۱۵ ماهگی، افزایش وزن بیشتر (۰ تا ۱۵ ماهگی)، درصد لاشه بالاتر نسبت به حیوانات TC داشتند. افراد CC خوراک کمتر برای نگهداری و تولید گوشت استفاده می‌کنند و راندمان غذایی بهتری دارند (۹). در مورد تأثیر این پلی‌مورفیسم بر صفات تولید شیر تحقیقی انجام نشده است.

اهداف این مطالعه، بررسی چند شکلی در اگزون ۷ ژن STAT5A و تأثیر این چند شکلی ژنتیکی بر ارزش‌های اصلاحی صفات تولید شیر در گاوهای نر هلشتاین ایران بود.

مواد و روشها

نمونه های DNA

DNA مورد نیاز در این مطالعه از ۱۳۴ گاو نر هلشتاین پروف شده مرکز اصلاح نژاد دام کشور استخراج شد. استخراج DNA براساس روش استاندارد (۱۴) (سه مرتبه شستشو با بافر PBS و سپس استفاده از روش فنل-کلروفرم) انجام شد.

کیفیت و کمیت DNA استخراج شده توسط بارگذاری روی ژل آگارز و اسپکتروفتومتر مورد تأیید قرار گرفت.

تکثیر DNA با PCR-RFLP

یک قطعه ۲۱۵ جفت بازی در موقعیت نوکلئوتیدی ۶۶۷۳ تا ۶۸۸۸ از اینترون ۶ و اگزون ۷ ژن STAT5A با شماره دسترسی (AJ237937) با استفاده از پرایمرهای زیر تکثیر شد:

5'CTg CAg ggC TgT TCT gAg Ag3'
5'Tgg TAC CAg gAC TgT AgC ACA T3'

اجزای واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (۲۵ میکرولیتر) شامل مواد زیر بود:

بافر 1x (۱۶ میلی‌مول آمونیوم سولفات، ۶۷ میلی‌مول تریس-کلریدریک اسید، ۰/۱ درصد توین ۲۰)، ۲/۵ میلی‌مول منیزیوم کلرید، ۲۰۰ میکرومول DNTP، ۵ پیکومول از هر پرایمر، یک واحد آنزیم تک پلی‌مراز و ۱۰۰ نانوگرم DNA.

چرخه دمائی تکثیر شامل واسرشته‌سازی آغازین در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲ دقیقه و سپس با ۳۴ چرخه در دمای ۹۴، ۶۱ و ۷۲ درجه سانتی‌گراد هر کدام یک دقیقه و بسط نهائی در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۳ دقیقه تکثیر انجام گرفت.

۱۰ میکرولیتر از محصول زنجیره‌ای پلی‌مراز با ۵ واحد آنزیم برشی *Ava*I به همراه بافر تانگو (۱/۵ میکرو لیتر) و آب دو بار تقطیر (۳/۱۵ میکرولیتر) برای مدت ۵ ساعت در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد در بن ماری قرار داده شد.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

قطعات هضم شده در ژل آگارز ۳ درصد مورد مشاهده قرار گرفتند.

تجزیه آماری

فراوانی‌های ژنی از طریق شمارش مستقیم با استفاده از فرمول $(2n_{TT}+n_{TC})/2n$ و خطای معیار فراوانی‌ها با فرمول $(p(1-p)/2n)^{1/2}$ محاسبه شد. n اندازه نمونه، p فراوانی آلل T، n_{TT} و n_{TC} به ترتیب تعداد افراد با ژنوتیپ TT و TC بودند. آزمون χ^2 برای تعیین تعادل هاردی- وینبرگ انجام شد (۱۰).

آماره‌های توصیفی و خلاصه شجره مجموعه داده‌ها در جدول ۱ آمده است. ارزش اصلاحی صفات تولید شیر (تولید شیر، چربی و پروتئین، درصد چربی و پروتئین شیر) با استفاده از مدل حیوانی یک صفتی با الگوریتم AIREML، از طریق نرم‌افزار MATVEC (۱۳) برآورد شد. مدل مورد استفاده شامل (Y) ارزش اصلاحی صفات تولید شیر، اثر حیوان (a) به عنوان عامل تصادفی، سن زایمان (Age) بر حسب ماه به عنوان عامل همبسته، اثر ثابت گله- سال- فصل (hys) و اثر باقیمانده (e) بود.

$$Y_{ijlm} = a_i + hys_j + b(Age_l - \overline{Age}) + e_{ijlm}$$

داده‌های مورد مطالعه در این تحقیق از ۷۱۰ گله و رکوردهای دوره اول شیردهی از سال‌های ۱۳۶۹ تا ۱۳۸۶ بود. تعداد دختران برای هر گاو نر حداقل ۴۲ و حداکثر ۳۰۶۶ بود. برای برآورد ارزش‌های اصلاحی از ۶ نسل شجره استفاده شد.

اثر ژنوتیپ‌های STAT5A بر ارزش اصلاحی صفات تولید شیر از طریق حداقل مربعات رویه GLM نرم افزار آماری SAS 9.12 (۱۰) انجام شد. مدل مورد استفاده به صورت زیر بود:

$$Y_{ijk} = \mu + year_i + G_j + e_{ijk}$$

که Y_{ijk} اررزش اصلاحی صفات تولید شیر، μ میانگین صفات، $year_i$ سال تولد گاوهای نر (روند ژنتیکی)، G_j اثر ژنوتیپ j ام و e_{ijk} اثر باقیمانده بود. به دلیل وجود پیشرفت ژنتیکی در طول زمان و تصحیح برای روند ژنتیکی، سال تولد گاوهای نر به عنوان یک عامل ثابت در مدل قرار می‌گیرد.

با استفاده از تجزیه تابعیت و قرار دادن اثر ژنوتیپ‌ها به عنوان متغیر مستقل و ارزش اصلاحی برآورد شده به عنوان متغیر وابسته، اثر متوسط جایگزینی ژنی برآورد شد. به عبارتی اثر متوسط جایگزینی براساس فالکونر و مکی (۴) به صورت تابعیت ارزش‌های اصلاحی برآورد شده از تعداد آلل‌های T به دست آمد. یعنی در تجزیه تابعیت به جای ژنوتیپ TT کد ۲، ژنوتیپ TC کد ۱ و ژنوتیپ CC کد ۰ قرار می‌گیرد. ضریب تابعیت به دست آمده، برآوردی از اثر متوسط جایگزینی ژنی خواهد بود.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

جدول ۱- آماره های توصیفی رکوردهای فنوتیپی و شجره

صفات	تعداد حیوانات در فایل داده	تعداد حیوانات در فایل شجره	تعداد حیوانات با والدین ناشناخته	میانگین	ضریب تغییرات
تولید شیر (کیلوگرم)	۱۸۷۴۸۱	۲۷۴۰۷۸	۳۶۶۶۳	۶۴۱۲/۰۰	۲۲/۴۵
تولید چربی (کیلوگرم)	۱۷۵۴۴۷	۲۶۲۲۴۴	۳۵۴۴۱	۲۰۰/۴۹	۲۴/۸۳
تولید پروتئین (کیلوگرم)	۷۴۲۱۶	۱۴۸۷۰۹	۱۷۴۱۴	۲۱۳/۰۹	۱۸/۴۵
درصد چربی	۱۷۵۴۱۷	۲۶۲۲۲۴	۳۵۴۳۹	۳/۱۵	۱۶/۱۹
درصد پروتئین	۷۴۲۱۳	۱۷۶۰۹۲	۲۶۵۱۳	۳/۱۱	۹/۳۲

نتایج و بحث

یک قطعه ۲۱۵ جفت باز از اینترون ۶ و اگزون ۷ با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز تکثیر شد. نتیجه هضم با آنزیم برشی *Ava*I دو آلل بود. آلل T با طول ۲۱۵ جفت باز بدون هضم بوده ولی آلل C یک نقطه برشی داشته و قطعات ۱۸۱ و ۳۴ جفت باز تولید می‌نماید. جایگزینی سیتوزین با تیمین در موقعیت ۶۸۵۳ مشخص شده و در اگزون ۷ واقع شده است (۵). این جایگزینی باعث تبدیل رمز CCC به CCT می‌شود که هر دو رمز اسیدآمینه پرولین است.

فراوانی ژنوتیپ‌های CC و TC به ترتیب ۰/۷۳۹ و ۰/۲۶۱ و فراوانی آلل‌های T و C به ترتیب ۰/۱۳۱ و ۰/۸۶۹ بود (جدول ۲). این فراوانی‌ها موافق با تحقیقات دیگر است. برای مثال فراوانی آلل C در گاوهای سیاه و سفید ۰/۸۳، شارولە ۰/۸۶، لیموزین ۰/۸۷، آنگوس قرمز ۰/۸۵، هرفورد ۰/۹۳ و سیمنتال ۰/۸۱ (۶)، گاوهای نر سیاه و سفید ۰/۹۰ (۹) گزارش شده است. ژنوتیپ‌ها براساس تعادل هاردی- وینبرگ توزیع شده بودند. برآورد اثر ژنوتیپ‌ها بر ارزش اصلاحی صفات تولید شیر با استفاده از روش حداقل مربعات انجام شد (جدول ۳). میانگین حداقل مربعات بین ژنوتیپ‌ها فقط در تولید پروتئین معنی‌دار بود (P<۰/۰۱۶) و ژنوتیپ TC پروتئین بالاتری تولید نمود. STAT5A به پروموتور ژن‌های کازئین شیر متصل شده و باعث فعال شدن نسخه‌برداری ژن‌های کازئین می‌شوند. به عبارت دیگر STAT5A در ساخت کازئین شیر نقش اساسی دارد. شاید همین مورد دلیل اثر معنی‌داری چندشکلی STAT5A بر تولید پروتئین در مطالعه حاضر باشد. تفاوت حداقل میانگین مربعات تولید چربی در بین دو ژنوتیپ نزدیک به سطح معنی‌داری بود (P<۰/۰۸۲). اگرچه گاوهای نر با ژنوتیپ TC نسبت به گاوهای با ژنوتیپ CC تولید شیر بالاتر و درصد چربی و پروتئین پائین‌تری داشتند ولی از نظر آماری تفاوت‌ها معنی‌دار نبود. در زمینه اثر این چند شکلی بر صفات تولید شیر مطالعه‌ای انجام نشده است.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

جدول ۲- توزیع ژنوتیپ در جایگاه *Ava*I-STAT5A در گاوهای نر هلشتاین پروف شده ایران

فراوانی ژنوتیپی			فراوانی ژنی		خطای معیار
TT	TC	CC	T	C	
۰	۰/۲۶۱	۰/۷۳۹	۰/۱۳۱	۰/۸۶۹	۰/۰۲

جدول ۳- میانگین حداقل مربعات و خطای معیار صفات تولید شیر در دو گروه ژنوتیپی

صفات	ژنوتیپ ها		ارزش P
	CC(n=۹۹)	TC(n=۳۵)	
تولید شیر (کیلوگرم)	۳۳۳/۲۷۳±۴۱/۹۸۲	۴۵۰/۶۹۵±۶۹/۵۸۵	۰/۱۴۶
تولید چربی (کیلوگرم)	۷/۰۱۹±۰/۸۵۶	۹/۸۹۵±۱/۴۱۸	۰/۰۸۲
تولید پروتئین (کیلوگرم)	۵/۷۷۹±۰/۹۲۵	۱۰/۱۱۲±۱/۵۳۳	۰/۰۱۶
درصد چربی	-۰/۰۵۶±۰/۰۱۶	-۰/۰۷۱±۰/۰۲۷	۰/۶۳۱
درصد پروتئین	-۰/۰۳۱±۰/۰۰۹	-۰/۰۵۲±۰/۰۱۵	۰/۲۳۵

اثر متوسط جایگزینی آلل T در جدول ۴ آمده است. به ازای جایگزینی یک آلل T با یک آلل C مقدار تولید شیر، چربی و پروتئین شیر به ترتیب ۷۶/۸، ۲/۳ و ۳/۷ کیلوگرم افزایش می‌یابد.

براساس نتایج به دست آمده در این تحقیق می‌توان استنباط نمود که چند شکلی موجود در اگزون ۷ ژن STAT5A می‌تواند به عنوان یک ابزار برای افزایش تولید پروتئین شیر مطرح باشد. با این وجود تأیید نتایج این تحقیق با تعداد بیشتر حیوانات و نژادهای دیگر ضروری است.

جدول ۴- اثر متوسط جایگزینی آلل T برای صفات تولید شیر

صفات	α	SE
تولید شیر (کیلوگرم)	۷۶/۸۵۰	۷۸/۹۸۷
تولید چربی (کیلوگرم)	۲/۲۹۶	۱/۶۵۵
تولید پروتئین (کیلوگرم)	۳/۶۷۲	۱/۷۷۳
درصد چربی	-۰/۰۰۴	۰/۰۲۸
درصد پروتئین	-۰/۰۱۷	۰/۰۱۶

تشکر و قدردانی

از مرکز اصلاح نژاد دام کشور به خاطر فراهم نمودن اسپرم گاوهای نر پروف شده و اطلاعات تولیدی و شجره حیوانات و معاونت پژوهشی دانشگاه تهران به خاطر تأمین مالی هزینه‌های اجرائی و آزمایشگاهی تشکر و قدردانی می‌شود.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

منابع

1. Antoniou, E., B.J. Grosz, M. Grosz and C.J. Skidmore. 1999. A single strand conformation polymorphism in the bovine gene STAT5A. Anim. Genet. 30: 225-244.
2. Darnell, J.E.J., I.M. Kerr and G.R. Stark. 1994. JAK-STAT pathways and transcriptional activation in response to IFNs and other extracellular signaling proteins. Science. 264: 1415- 1421.
3. Dekkers, J.C.M. and F. Hospital. 2002. The use of molecular genetics in improvement of agricultural populations. Nat. Rev. Genet., 3: 22-32.
4. Falconer, D.S. and T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Addoson Wesley Logman Ltd., Essex, Englad. pp. 175.
5. Flisikowski, K. and L. Zwierzchowski. 2002. Single strand conformation polymorphism within exon 7 of the bovine STAT5A gene. Anim. Sci. Pap. Rep., 20: 133-137.
6. Flisikowski, K., J. Oprzadek, E. Dymnicki and L. Zwierzchowski. 2003. New polymorphism in the bovine STAT5A gene and its association with meat production traits in beef cattle. Anim. Sci. Pap. Rep., 21: 147-157.
7. Liefers, S.C., R.F. Veerkamp, M.F.W. Te Pas, Y. Chilliard and T. Van der Lende. 2005. Genetics and physiology of leptin in periparturient dairy cows. Domes. Anim. Endocrinol. 29: 227.
8. McCracken, J.Y., A.J. Molenaar, R.J. Snell and R.J. Wilkins. 1997. A polymorphic TG repeat present within the bovine STAT5A gene. Anim. Genet. 28: 453-464.
9. Oprzadek, J., K. Flisikowski, L. Zwierzchowski and E. Dymnicki. 2003. Polymorphisms at loci of leptin, PIT1 and STAT5A and their association with growth, feed conversion and carcass quality in Black-White bulls. Anim. Sci. Pap. Rep 21: 135-145.
10. SAS® User's Guide: Statistics, Version 9.12 Edition. 2007. SAS Inst. Inc., Cary, NC.
11. Seyfert, H., C. Pitra, L.R. Meyer, M. Brunner and M. Schwerin. 2000. Moleculare characterization of STAT5A and STAT5B encoding gene s reveals extended intragenic sequence homogeneity in cattle and mouse and different degrees of divergent evolution of various domains. J. Mol. Evol., 50: 550-561.
12. Wakao, H., F. Gouilleux and B. Groner. 1994. Mammary gland factor (MGF) is a novel member of the cytokine regulated transcription factor gene family and confers the prolactin response. EMBO J. 13: 2182-2191.
13. Wang, T., R.L. Fernando and S.D. Kachman. 2002. Matvec user's guide, Version 1.03.
14. Zadworney, D. and U. Kuhnlein. 1990. The identification of the kappa casein genotype in Holstein dairy cattle using polymerase chain reaction. Theo. Appl. Genet. 80: 631-634.

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

Effect of STAT5A Gene Polymorphism on Milk Production Traits in Iranian Holstein Bulls

M. Sadeghi[1], M. Moradi Shahr Babak[2], G. Rahimi Mianji[3] and A. Nejati Javaremi[2]

Abstract

Signal transducer and activator of transcription 5A (STAT5A) was chosen as candidate gene because of its involvement in the development of the mammary gland and it is a key mediator of prolactin signaling and can activate transcription of milk protein genes in response to prolactin. Semen samples from 134 Iranian Holstein proven bulls were obtained from the Animal Breeding Center of Iran. A 215 bp fragment, located within exon 7 of bovine STAT5A gene was amplified. PCR product was digested with *Ava*I enzyme. Genotypic frequencies of CC and TC were 0.739 and 0.261 respectively and gene frequencies of T and C alleles were 0.131 and 0.869 respectively. Genotypes are distributed according to the Hardy-Weinberg equilibrium. Breeding values for milk related traits (milk, fat and protein yield and percent age) were estimated using animal model and AIREML procedures as programmed in MATVEC software. Least squares means between two genotypes for protein yield were significance ($P<0.016$) and TC genotype had higher protein yield. We can conclude that RFLP in STAT5A is a promising new possibility to select for increased yield of milk protein through selection for the T allele.

Keywords: Breeding value, Iranian Holstein, STAT5A gene, Polymorphism

1- Assistant Professor, Faculty of Agricultural Science and Engineering, Agriculture and Natural Resources University of Tehran

2- Professor, Faculty of Agricultural Science and Engineering, Agriculture and Natural Resources University of Tehran

3- Professor, College of Animal Science and Fisheries, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University

[Downloaded from rap.sanru.ac.ir on 2026-11-01]