دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشهای تولیدات دامی

بررسی میزان بیان ژن Rheb در بافت‌های مختلف بز سرخ جبال بارز

عذرا نجمی نوری[1]، محمدرضا بحرینی بهزادی[2] و محمدرضا محمدآبادی[3]

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه علوم دامی، دانشگاه یاسوج
۲- استادیار، گروه علوم دامی، دانشگاه یاسوج، (نویسنده مسوول: bahreini@yu.ac.ir)
۳- استاد، گروه علوم دامی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

تاریخ دریافت: ۹۴/۴/۳۰ تاریخ پذیرش: ۹۵/۷/۱۷

چکیده

با توجه به اهمیت جهانی، منطقه‌ای و اقتصادی بز سرخ جبال بارز از لحاظ تولید کرک و نقش ژن Rheb در رشد، چرخه سلولی و سرطان، بیان این ژن برای اولین بار در بز سرخ جبال بارز مورد مطالعه قرار گرفت. به عنوان یک عضو از فوق خانواده Ras، Rheb یک تنظیم کننده بالا دست مسیر سیگنال‌دهی mTOR است که فرآیند رشد سلول، تکثیر و تمایز را تنظیم می‌کند. به منظور مطالعه سطوح بیان Rheb در بافت‌های مختلف شامل مغز (میانی)، مغز (قشری)، قلب، کلیه (کورتکس)، کلیه (مدولا)، بیضه، شش، کبد و طحال cDNA ژن Rheb به وسیله Real-Time PCR تکثیر شد و با روش پی‌فافل مورد بررسی قرار گرفت. برای تجزیه و تحلیل داده‌های حاصل از روش پی فافل از نرم‌افزار SAS استفاده شد. نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که این ژن در تمامی بافت‌های مورد بررسی بیان شده است و بیشترین سطح بیان آن در طحال و کمترین در شش مشاهده شد. لذا می‌توان پیشنهاد کرد که این ژن در تمام بافت‌ها بیان می‌شود که نیاز است اثرات فیزیولوژیکی این ژن در بافت‌های مختلف و دام‌های گوناگون مورد بررسی قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: ژن Rheb، بز سرخ جبال بارز، بیان، بافت

مقدمه

با توجه به رشد روز افزون جمعیت جهان استفاده از روش‌های نوین برای تأمین نیازهای مختلف این جمعیت عظیم ضروری به نظر می‌رسد. در کشورهای توسعه یافته پرورش دام به روش‌های علمی جایگزین روش‌های سنتی گردیده است و این امر توانسته تحول بزرگی در تولید محصولات دامی ایجاد کند.

بز سرخ جبال بارز با جمعیتی بالغ بر ۴۵۰ هزار رأس در منطقه جیرفت و کهنوج پرورش می‌یابد، در یک طیف رنگی قرمز تا قهوه‌ای دیده می‌شود و رنگ غالب این حیوان قرمز است (۱). این بز برای تولید کرک، گوشت قرمز و محصولات لبنی اهمیت زیادی دارد. عدم نیاز به سرمایه زیاد، تولید گوشت کم‌چرب، بالا بودن نسبت دوقلوزایی، تولید مناسب شیر، مصرف غذای کم و کمک به اقتصاد خانواده از محاسن پرورش بز سرخ جبال بارز محسوب می‌شوند (۱). از سال ۱۹۹۷ سرمایه گذاری عظیمی برای متنوع کردن محصولات کشاورزی به کمک صفت کرک در اتحادیه اروپا انجام شده و کرک از این جهت وضعیت خوبی دارد (۶).

ژن Rheb[1] در موجودات زنده مختلف دارای نقش متفاوتی است. به طور کلی این ژن در رشد و چرخه‌ی سلول نقش دارد. TSC[2] یک بیماری ژنتیکی است، که در اثر جهش در ژن Rheb ایجاد می‌شود و باعث ایجاد تومور می‌شود. این تومورها در مغز سبب اختلالات عصبی می‌شود (۷،۹). تحقیقات نشان می‌دهد که در زمان عدم فعالیت Rheb در اثر جهش اندازه سلولی کاهش یافته و در زمان بیان بالای آن اندازه سلولی افزایش یافته است.

پروتئین‌های Rheb خانواده‌ای جدید و منحصر به فرد از خانواده بزرگ راس[3] از پروتئین‌های باند شونده به گوانوزین تری‌فسفات هستند که برای اولین بار در سال ۱۹۹۴ در موش صحرایی تحت عنوان اولین ژن ضروری شناسایی شدند (۱۵). Rheb باعث بقای سلول و در مواقع کمبود انرژی واسطه‌ای برای پاسخ به نیاز سلول می‌باشد. پروتئین Rheb از ۱۸۴ اسیدآمینه تشکیل شده است و به جای گلایسین در موقعیت ۱۲ دارای آرژنین است و در قسمت انتهایی Rheb موتیف CAAX قرار دارد که در آن C مخفف سیستئین، A مخفف اسید آمینه آلیفاتیک (زنجیری)، X مخفف اسید آمینه C انتهایی (معمولاً متیونین، آلانین، سرین، گلوتامین یا سیستئین) است. فراوانی mRNA ژن Rheb در محیط کشت سلولی پستانداران به میزان زیادی توسط فاکتور رشد کنترل می‌شود (۴). دو پلی پپتید Rheb در۵۰ درصد از توالی‌های اسیدآمینه‌ای پستانداران یکسان هستند. پروتئین‌های Rheb در تنظیم رشد و چرخه‌ی تقسیم سلولی نقش حیاتی دارند که این تأثیر به دلیل نقش Rheb در مسیر پیام رسانی Insulin/TOR/S6K[4] می‌باشد، البته مکانیسم مربوط به آنها به طور کامل شناسایی نشده است (۱۲). Rheb یک فاکتور تنظیم کننده‌ی بالادست در مسیر پیام رسانی mTOR[5] است و Rheb-GTP می‌تواند mTOR را فعال کند (۸). mTOR یک پروتئین مرکزی کنترل‌کننده رشد و تکثیر سلولی است که از طریق مکانیسم‌های نسخه برداری و ترجمه در پاسخ به اسیدهای آمینه و فاکتورهای رشد عمل می‌کند. ایکسو و همکاران (۱۴) پس از بررسی سطوح بیان نسبی ژن Rheb در بافت‌های مختلف مغز، قلب، بیضه، کبد، کلیه، طحال، شش و پانکراس بز کرکی مغولی با استفاده از آنالیز Semi-Quantitative RT-PCR نشان دادند که ژن Rheb در تمامی بافت‌های بررسی شده بیان شده و بیش‌ترین سطح تجمع mRNA در مغز صورت گرفته است. یاماگاتا و همکاران (۱۵) با بررسی بر روی موش به این نتیجه دست یافتند که ژن Rheb در بافت‌های مختلف و به میزان نسبتاً بالایی در مغز بیان شده است. پژوهش‌گران در آزمایشی نشان دادند که ژن Rheb در تمام بافت‌های انسان بالغ شامل قلب،

1- Ras homolog enriched in brain
2- Tuberous Sclerosis Complex
3- Ras super family
4- Target of rapamycin
5- Mammalian target of rapamycin

مغز، جفت، شش، کبد، ماهیچه قلبی، کلیه و پانکراس بیان شده است که این نتایج با اطلاعات به دست آمده ازموش صحرایی مطابقت دارد و بیش‌ترین سطح mRNA مربوط به ژن Rheb در ماهیچه‌های قلبی و اسکلتی مشاهده شده است (۳، ۵). نتایج پژوهش توحیدی نژاد و همکاران (۱۳) نشان داد که این ژن در بافت های مغز، قلب، شش، پانکراس، طحال، کلیه، کبد و بیضه بز کرکی رائینی بیان می‌شود. در بررسی دقیق بیان ژن Rheb در بافت های مختلف با استفاده از نرم‌افزار GeneTools دیده شد که این ژن به مقدار زیادی در بافت کلیه بیان شده است و کمترین سطح بیان در بافت‌های پانکراس و بیضه مشاهده شده است (۱۳).

تاکنون هیچ گزارشی درباره بیان این ژن در بز سرخ جبال بارز دریافت نشده است، لذا هدف از این تحقیق بررسی بیان ژن Rheb در بافت‌های مختلف بز سرخ جبال بارز و مقایسه سطح بیان ژن Rheb در بین بافت‌های مورد مطالعه بود.

مواد و روش‌ها

برای تهیه‌ی نمونه‌های بافتی شامل مغز میانی، مغز قشری، قلب، کلیه (کورتکس)، کلیه (مدولا)، بیضه، شش، کبد و طحال مربوط به بز سرخ جبال بارز اقدام به خریداری یک بز سرخ جبال بارز از گله‌ای واقع در شهرستان جیرفت شد.

بلافاصله پس از کشتار قطعات کوچکی از اندام‌های مورد نیاز توسط تیغ استریل جدا گردیده و در داخل میکروتیوب‌های ۱/۵ میلی‌لیتری قرار داده شدند، سپس هر چند عدد از میکروتیوب‌ها در داخل یک فویل آلومینیومی قرار داده شده و سریعاً به داخل تانک ازت که دمای ۱۹۶- درجه سانتی‌گراد داشت، منتقل شدند. پس از انجماد سریع، نمونه‌ها تا زمان انجام آزمایشات مربوطه در داخل فریزر که دمای ۸۰- درجه داشت، نگهداری شدند.

استخراج RNA و سنتز cDNA

استخراج RNA کل از بافت‌های مورد مطالعه طبق دستورالعمل کیت توپاز ژن صورت گرفت. کیفیت و کمیت RNA استخراج شده با روش الکتروفورز ژل آگارز وUVاسپکتروفتومتری مورد بررسی قرار گرفت. RNA استخراج شده تا انجام مراحل بعدی آزمایش در فریزر با دمای ۸۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد. برای ساخت cDNA از کیت فرمنتاز استفاده گردید. لازم به ذکر است که در طی مراحل سنتز cDNA همه مواد روی یخ نگهداری شدند. آغازگرها توسط شرکت تکاپوزیست ساخته و ارسال شدند (جدول ۱ و ۲).

جدول ۱- توالی پرایمرهای ژن Rheb جهت انجام RT-PCR

Table 1. Perimers sequence of Rheb gene for RT-PCR

Primer name	sequence(5′- 3′)
Forward primer	ATGCCGCAGTCCAAGTCC
Reverse primer	TCACATCACCGAGCAG

جدول ۲- توالی پرایمرهای ژن بتااکتین جهت انجام RT-PCR

Table 2. Perimers sequence of beta actin gene for RT-PCR

Primer name	sequence(5′- 3′)
Forward primer	TGGCACCACACCTTCTACAACGAGC
Reverse primer	CGTCCCCAGAGTCCATGACAATG

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز

برای تکثیر ژن مورد مطالعه و تعیین دمای اتصال آغازگر به رشته‌های DNA هدف واکنش زنجیره‌ای پلیمراز انجام شد. در این مطالعه از ژن بتااکتین به عنوان ژن کنترل استفاده شد. برای تکثیر ژن Rheb و B-actin، دناتوراسیون اولیه ۹۴ درجه سانتی گراد برای ۴ دقیقه، دناتوراسیون ثانویه ۹۴ درجه سانتی گراد برای ۱ دقیقه، دمای اتصال ۵۷ درجه سانتی گراد برای ۱ دقیقه، سنتز اولیه ۷۲ درجه سانتی‌گراد برای ۱ دقیقه، ۳۵ سیکل تکرار مراحل ۲-۴ و سنتز نهایی ۷۲ درجه سانتی گراد برای ۱۰ دقیقه انجام شد.

برای بررسی میزان نسبی بیان ژن Rheb از واکنش PCR Real-Time به روش سایبرگرین استفاده شد.

جهت انجام واکنش ۴/۷ میکرولیتر آب دو بار تقطیر، ۷/۵ میکرولیتر SayberPermixTaq II و ۰/۳ میکرولیتر ROX به همراه ۰/۵ میکرولیتر آغازگر رفت، ۰/۵ میکرولیتر آغازگر برگشت و مقدار ۱/۵ میکرولیتر cDNA الگو در میکروتیوب با هم مخلوط شدند. سپس میکروتیوب‌ها اسپین شدند تا همه مواد در یک نقطه جمع شوند و با شرایط زیر در دستگاه Light Cycler 96قرار داده شد. برای ژن Rheb و B-actin، دناتوراسیون اولیه ۹۵ درجه سانتی‌گراد برای ۴۵ ثانیه، دناتوراسیون ثانویه ۹۵ درجه سانتی‌گراد ۳۰ ثانیه، اتصال ۵۷ درجه سانتی‌گراد ۶۰ ثانیه، ۴۵ سیکل تکرار مراحل ۲-۴ و گسترش در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد ۴۰ ثانیه و در مرحله ذوب افزایش دما از ۷۲ تا ۹۵ درجه سانتی‌گراد انجام شد.

جهت تجزیه و تحلیل داده‌های حاصل از Real-Time PCR از روش پی فافل استفاده شد (۱۱). در این روش پس از رسم منحنی استاندارد و به دست آوردن راندمان ژن Rheb و بتااکتین از فرمول زیر برای محاسبه میزان بیان ژن Rheb در هر یک از نمونه‌ها استفاده شد.

معادله (۱)

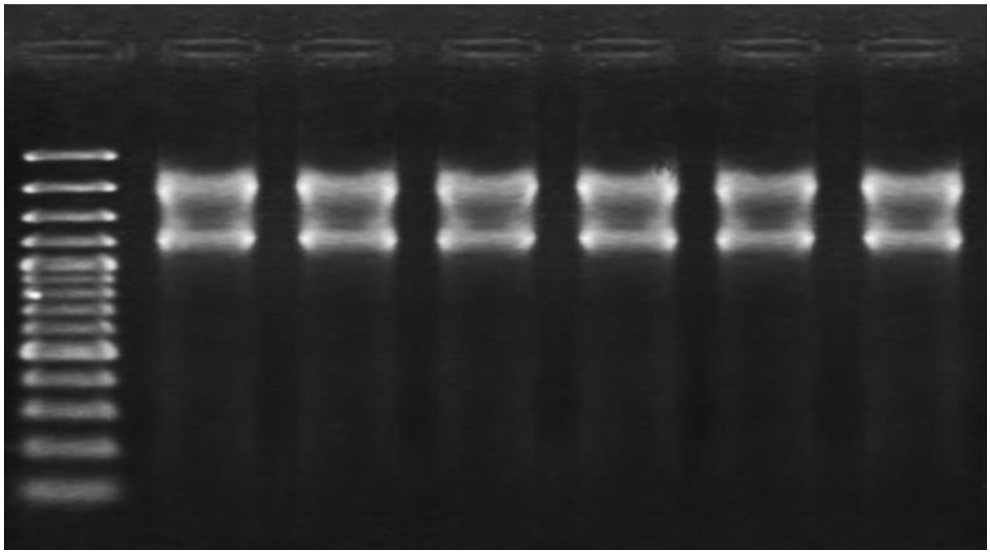
$$\text{ratio} = \frac{(E_{\text{target}})^{\Delta CT\text{target(control-sample)}}}{(E_{\text{ref}})^{\Delta CT\text{ref(control-sampl)}}}$$

E_{target} و E_{ref} به ترتیب بازدهی PCR ژن مورد مطالعه و ژن مرجع یا کنترل داخلی می‌باشند. ΔCt حاصل تفریق Ct ژن Rheb از Ct ژن بتا اکتین می‌باشد.

داده‌های به دست آمده از روش پی فافل که بیانگر بیان نسبی ژن Rheb در بافت‌های مختلف بز سرخ جبال بارز می‌باشند، توسط نرم‌افزار SAS مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند و جهت تعیین اختلاف معنی‌دار بین گروه‌ها از آزمون دانکن استفاده شد (۱۲).

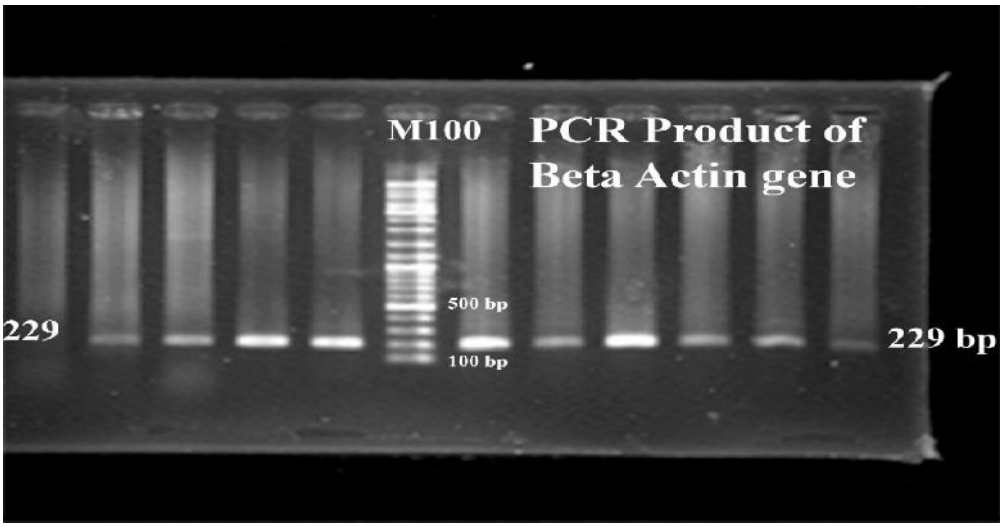
نتایج و بحث

اعداد جذب نمونه‌های استخراج شده در طول موج A260/A280 بین ۱/۷۷–۱/۹ بود که بیانگر کیفیت مناسب و مطلوب RNAهای استخراج شده می‌باشد و وجود دو باند 18S و 28S در rRNA نشان‌دهنده سالم بودن RNA و عدم وجود باند اضافی نشان‌دهنده خلوص آن می‌باشد.

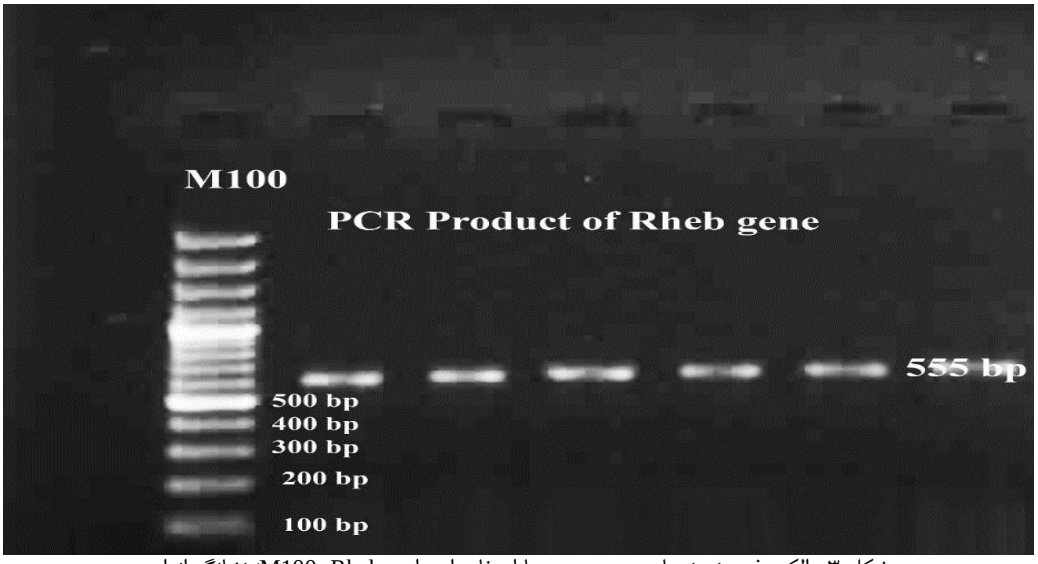


شکل ۱– نمونه‌هایی از **RNA** استخراج شده
Figure 1. Samples of the extracted RNA

برای یافتن دمای اتصال مناسب پرایمرهای ژن هدف (Rheb) و کنترل (بتا اکتین)، واکنش PCR شیب دمایی انجام شد و مناسب ترین دما برای اتصال پرایمرهای اختصاصی (دمای ۵۷°C) انتخاب گردید. بعد از انجام واکنش، محصولات PCR با استفاده از الکتروفورز با ژل آگارز (۲ درصد) مورد بررسی قرار گرفتند. مشاهده‌ی تک باند در محدوده bp ۵۵۵ برای پرایمر Rheb و در محدوده bp ۲۲۹ برای بتا اکتین در مورد همه‌ی نمونه‌ها، بیانگر صحت انجام آزمایش و تکثیر قطعه مورد نظر می‌باشد.

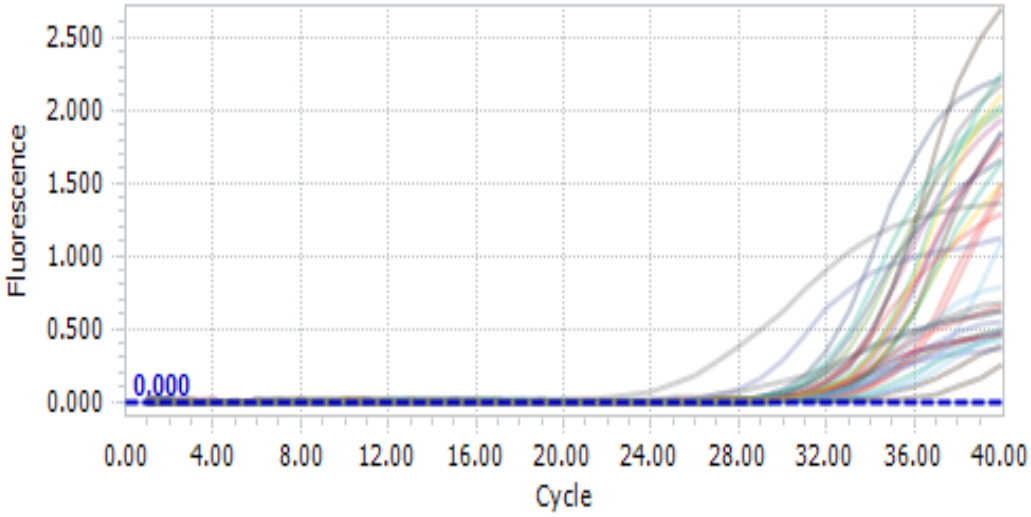


شکل ۲– الکتروفورز نمونه‌های مورد بررسی با استفاده از پرایمر بتااکتین (کنترل). M100؛ نشانگر اندازه
Figure 2. Electrophoresis of studied samples using beta actin (control) primer. M100, size marker



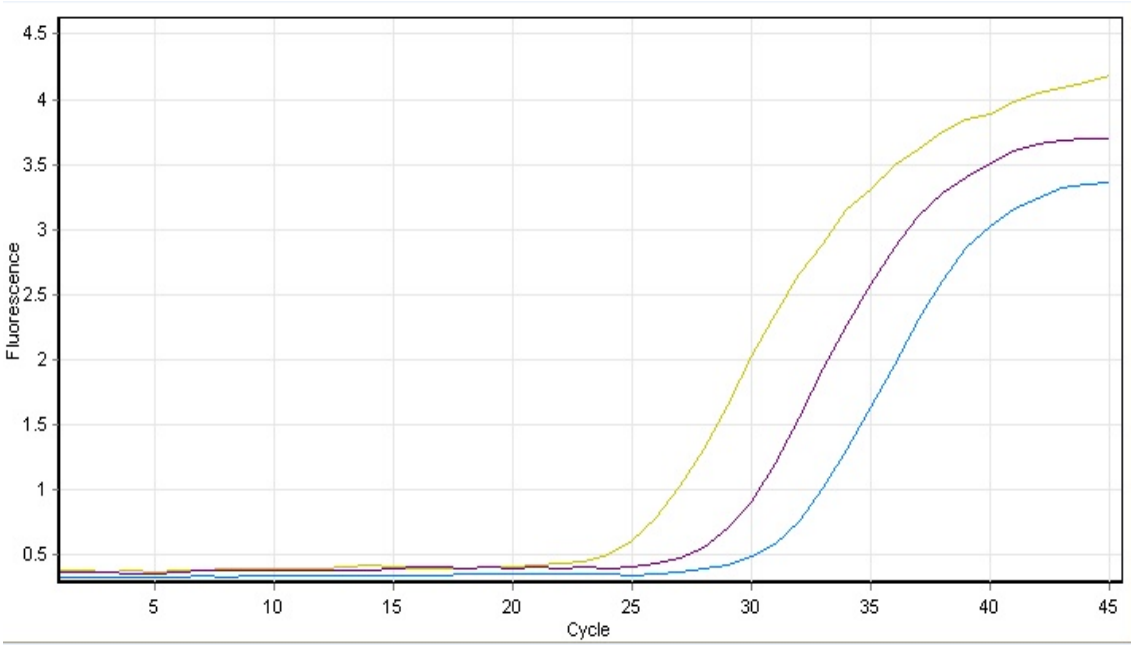
شکل ۳- الکتروفورز نمونه‌های مورد بررسی با استفاده از پرایمر Rheb.. M100؛ نشانگر اندازه
Figure 3. Electrophoresis of studied samples using Rheb primer. M100, size marker

در طی انجام واکنش، دستگاه Real Time PCR میزان تغییرات نور فلورسنت در هر سیکل را به صورت منحنی تکثیر نشان داد، به طوری که هرچه میزان محصول تولید شده بیشتر شود تعداد رنگ متصل شده بین دو رشته DNA بیشتر و در نتیجه میزان نور فلورسنت ساطع شده نیز بیشتر خواهد شد. برای منحنی تکثیر همه نمونه‌ها یک حد آستانه در فاز نمایی تعریف شد و یک Ct به دست آمد که نشان‌دهنده سیکلی می‌باشد که در آن شدت نور فلورسانت ساطع شده از تکثیر واکنش به حد آستانه رسیده است.

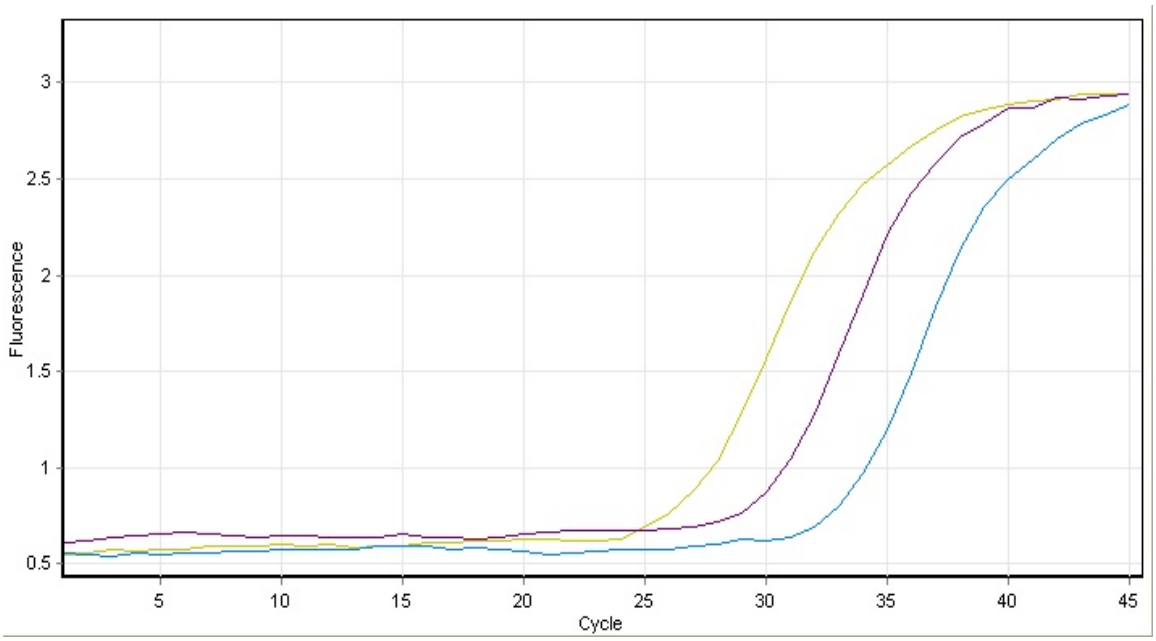


شکل ۴- منحنی لگاریتمی تکثیر ژن Rheb توسط دستگاه Real Time PCR
Figure 4. Logarithmic curve of Rheb gene amplification using Real Time PCR

جهت به دست آوردن راندمان PCR برای ژن Rheb و کنترل بتااکتین (B-actin)، از یک cDNA مرجع ۳ رقت ۱، ۱۰، ۱۰۰ تهیه شد و بعد از انجام واکنش، راندمان ژن Rheb و کنترل به ترتیب برابر با ۱۰۰ و ۹۹ درصد به دست آمد.



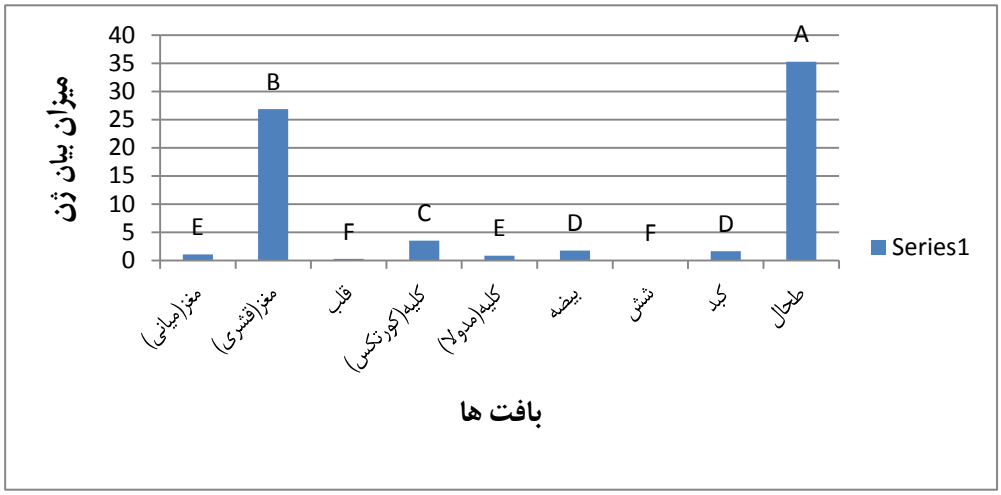
شکل ۵- منحنی استاندارد تکثیر ژن بتا اکتین در سه رقت ۱، ۱۰، ۱۰۰
Figure 5. Standard curve of Beta Actin gene amplification in three dilutions 1, 10, 100



شکل ۶- منحنی استاندارد تکثیر ژن Rheb در سه رقت ۱، ۱۰، ۱۰۰
Figure 6. Standard curve of Rheb gene amplification in three dilution 1, 10, 100

نتایج حاصل از Real Time PCR نشان داد که این ژن در تمام بافت‌های مورد بررسی بیان می‌شود. در بررسی دقیق بیان ژن Rheb در بافت‌های مختلف بز سرخ جبال بارز با استفاده از نرم افزار SAS دیده شد که این ژن به مقدار زیادی در بافت طحال بیان شده است و کمترین سطح بیان در بافت شش مشاهده شده است. سطوح مختلف بیان ژن Rheb در بافت‌های مختلف بز سرخ جبال بارز در شکل ۷ نشان داده شده است. در بررسی مشابهی که توسط ژنگ و همکاران (۱۶) میلادی بر روی بز کرکی مغولی انجام شده بود. بیشترین سطح بیان در مغز دیده شده بود و بیان آن در قلب و طحال محدود شده بود که این نتایج متفاوت از نتایج حاصل از این پژوهش می‌باشد که شاید دلیل آن تفاوت در ژنوتیپ و تأثیر محیط بر روی ژنوتیپ باشد. در پژوهش صورت گرفته بر روی این ژن توسط یاماگاتا (۱۵) بر روی موش دیده شده که ژن Rheb در سطوح بالایی در هیپوکامپوس و کورتکس مغزی بیان شده است و در

بافت‌های شش، تیموس، کلیه و روده هم به میزان زیادی بیان شده است. نتایج پژوهش توحیدی نژاد و همکاران (۱۳) نشان داد که این ژن در بافت‌های مغز، قلب، شش، پانکراس، طحال، کلیه، کبد و بیضه بز کرکی رائینی بیان می‌شود. در بررسی دقیق بیان ژن Rheb در بافت‌های مختلف با استفاده از نرم‌افزار GeneTools دیده شد که این ژن به مقدار زیادیدر بافت کلیه بیان شده است و کمترین سطح بیان در بافت‌های پانکراس و بیضه مشاهده شده است (۱۳).



شکل ۷- سطوح مختلف بیان ژن Rheb در بافت‌های مختلف بز سرخ جبال بارز
Figure 7. Different levels of Rheb gene relative expression in different tissues of Jabal Barez Red goat

نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل آماری توسط نرم‌افزار SAS نشان دادکه بیان ژن Rheb در بز سرخ جبال بارز در بین بافت‌های مختلف تفاوت معنی‌داری در سطح ۱ درصد دارد. در بررسی دیگری که توسط توحیدی نژاد و همکاران (۱۳) بر روی ژن Rheb در بافت‌های مختلف بز کرکی رائینی با استفاده از نرم‌افزار Gene Tools انجام شده بود نشان دادکه این ژن به مقدار زیادی در بافت کلیه بیان شده است و کمترین سطح بیان در بافت‌های پانکراس و بیضه می‌باشند و نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل آماری توسط نرم‌افزار SPSS نشان دادکه بیان ژن Rheb در بز کرکی رائینی در بین بافت‌های مختلف تفاوت معنی‌داری در سطح ۱ درصد دارد.

نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که بیشترین سطح بیان ژن Rheb در بافت طحال و کمترین سطح بیان در بافت شش می‌باشد و بین بافت‌های کبد با بیضه و بین بافت‌های کلیه (مدولا) با مغز (میانی) تفاوت معنی‌داری وجود نداشت، اما بین سایر بافت‌ها تفاوت معنی‌داری وجود داشت ($P\leq$ ۰/۰۱)، لذا می‌توان گفت که ژن Rheb نقش مهمی را در سلول‌های بز ایفا می‌کند که نیاز است اثرات فیزیولوژیکی این ژن در بافت‌های مختلف و دام‌های مختلف مورد بررسی قرار گیرد.

منابع

1. Abbaszadeh Mehrabadi, A., M.R. Mohammadabadi, K.A. Esmailizadeh and R. Alinaghizadeh. 2011. Polymorphism studying Exon 2 of GoLA-DRB3 gene in Nadoushan Goat using PCR-RFLP. Animal science Researches of Iran, 3: 274-279 (In Persian).
2. Ahmadikhah, A. 2008. Advanced Genetics. Publicationof Agricultural Sciences and Natural Resources University of Gorgan, (In Persian).
3. Aspuria, P.J. and F. Tamanoi. 2004. The Rheb family of GTP-binding proteins. Cellular Signalling, 161105-1112.
4. Buerger, C., B. DeVries and V. Stambolic. 2006. Localization of Rheb to the endomembrane is critical for its signaling function. Biochemical and Biophysical Research Communications, 344: 869-880.
5. Gromov, P.S., P. Madsen, N. Tomerup and J.E. Celis. 1995. A novel approach for expression cloning of small GTPases: identification,tissue distribution and chromosome mapping of the homolog of rheb. FEBS Letters, 377: 221- 226.
6. Herrmann, S. and F.J. Wortmann. 1997. Opportunities for the simultaneous estimation of essential fleece parameterrs in raw cashmere fleeces. Livestock Production Science, 48: 1-12.
7. Inoki, K., Y. Li and T. Xu. 2003. RhebGTPase is a direct target of TSC2 GAP activity and regulates mTOR signaling. Genes Development, 17: 1829-1834.
8. Long, X., Y. Lin, S. Ortiz-Vega, S. Busch and J. Avruch. 2007. The Rheb Switch 2 Segment Is Critical for Signaling to Target of RapamycinComplex. The Journal of Biological Chemistry, 282(25): 18542-18551.
9. Ma, D., X. Bai, S. Guo and Y. Jiang. 2008. The switch i region of rheb is critical for its interaction with FKBP38. The Journal of Biological Chemistry, 283(38): 25963-25970.
10. Msoffe, P.L., M.M.A. Mtaambo, U.M. Minga, H.R. Juul-Madsen and P.S. Gwakisa. 2005. Genetic structure among the local chicken ecotypes of Tanzania based on microsatellite DNA typing. African Journal of biotechnology. 4: 768-771.
11. Mahdian, R.A.R, Kamyab, A.A. Amirzargar, Real-TimePCRBasic and Application. 2014. First edn. ArtinTeb. Tehran. IR. 285 pp.
12. Saucedo, L.J., X. Gao, D.A. Chiarelli, L. Li, D. Pan and B.A. Edgar. 2003. Rheb promotes cell growth as a component of the insulin/TOR signalling network. Nat.Cell Biology, 5: 566-571.
13. Tohidinezhad F., M.R. Mohammadabadi, A.K. Esmailizadeh and A. NajmiNoori. 2014. Comparison of different levels of Rheb gene expression in different tissues of RainiCashmirgoat.Journal of Agricultural Biotechnology, 6(4): 37-50 (In Persian).
14. Xu, Z., Y. Jiao, W. Xiao, L. Yan, Q. Yin and W. Zhigang. 2011. Molecular characterization and expression pattern of Rheb gene in Inner Mongolia Cashmere Goat (Capra hircus). Agricultural Sciences in China, 9: 1452-1458.
15. Yamagata, K., L.K. Sanders, W.E. Kaufmannn, W. Yee, C.A. Barnes, D. Nathan and P.F. Worley. 1994. Rheb, a growth factor and synaptic activity-regulated gene, encodes a Novel Ras-related Protein. The Journal of Biological Chemistry, 269: 16333-1633
16. Zheng, Xu., J.F. Yang, X.J. Wang, Y. Liang, M.L. Wu, J.J. Shi, T. Zhang, Y. Qin, S.Y. Li, X.Y. Hao, Z.G. Wang and D.J. Liu. 2011. Molecular characterization and expression pattern of rheb gene in inner mongolia cashmere goat (Capra hircus). Agricultural Sciences in China, 10(9): 1452-1458.

Expression Analysis of Rheb Gene in Different Tissues of Jabal Barez Red Goat

Azra Najmi Noori[1], Mohammad Reza Bahreini Behzadi[2] and Mohammad Reza Mohammadabadi[3]

1- M.Sc. Student, Department of Animal Science, Yasouj University
2- Assistant Professor, Department of Animal Science, Yasouj University,
(Corresponding Author: bahreini@yu.ac.ir)
3- Professor, Department of Animal Science, Shahid Bahonar University of Kerman
Received: July 21, 2015 Accepted: October 8, 2016

Abstract

According to global, regional and economic importance of Jabal Barez Red goat from the cashmir production aspect and role of Rheb gene on growth, cell cycle and cancer, expression of this gene was studied in Jabal Barez Red goat for the first time. As one member of the Ras super family, Rheb is an upstream regulator of mTOR signaling pathway, which regulates the process of cell-growth, proliferation and differentiation. In order to study expression levels of Rheb in various tissues including brain(medulla), brain(cortex), heart, kidney(cortex), kidney (medulla), testis, lung, liver and spleen,the cDNA of Rheb gene was amplified by Real-Time PCR and analysed by Pfaffl method. SAS software was used to analyze the resulted data of the Pfaffl method. Results showed that the Rheb gene was expressed in the all tested tissues and the highest level of expression was observed in spleen and the lowest level in lung. Hence, it can be suggested that Rheb gene express in all tissues that require the physiological effects of this gene to be considered in different tissues and different animals.

Keywords: Rheb gene, Jabal Barez Red Goat, Expression, Tissue