Agriculture College – Wasit University

Dijlah Journal of Agricultural Sciences

ISSN 2790 – 5985

e ISSN 2790 – 5993

Dijlah J. Agric. Sci., 2(1):1-7 , 2024

Study of the genetic conformations of the DGAT1 gene in the local and Holstein breeds of cows raised in Iraq using PCR-RFLP technology

Ibtihal Majid Nouri Al-Ajoudi* and Jaafar Muhammad Awaid

Department of Animal Production, College of Agriculture, Basra University

***Corresponding author e-mail**: aibtihal2500@gmail.com, jaffar.mohammed1971@gmail.com

Abstract:

This study was conducted in the Genetic Engineering Laboratory of the College of Agriculture, University of Basra. In this study, 50 dairy cows of the two breeds of local cows and the Holstein breed were used (34 local cows and 16 Holstein cows), which were selected from some breeders in Basra Governorate in relation to the local cows. As for the Holstein cows, they were from the Al-Qadisiyah cattle station. Blood samples were drawn and placed in a test tube containing an anticoagulant for the purpose of extracting DNA. Then the DGAT1 gene was amplified and cut to reveal the genetic makeup of this gene. The current study focused on revealing the genetic makeup of the DGAT1 gene. The DGAT1 gene was amplified and cut using the enzyme (Taq1) and was Obtaining the two alleles, the A allele and the K allele, resulted in three genotypes KK, AK, and AA. The AA genotype showed one band at position 411bp, the kk three bands of sizes 411, 110, and 85, and the AK genotype showed two bands of sizes 411bp and 110bp. The Holstein breed was characterized by the presence of the KK and AK genotypes, while the local breed was characterized by the presence of the AA and AK genotypes. The aim of the study: to determine the genotypes of the DGAT1 gene in cows raised in Iraq using PCR-RFLP technology.

Keywords: DGAT1, gene, genotypes, PCR-RFLP

دراسة التشكلات الوراثية لجين *DGAT1* في سلالتي الابقار المحلية والهولشتاين المرباة في العراق باستخدام تقنية PCR-RFLP

ابتهال ماجد نوري الاجودي　　　　جعفر محمد عويد

قسم الانتاج الحيواني/ كلية الزراعة/ جامعة البصرة

الخلاصة

أجريت هذه الدراسة في مختبر الهندسة الوراثية التابع الى كلية الزراعة جامعة البصرة. استخدمت في هذه الدراسة 50 بقرة حلوب من سلالتي الابقار المحلية وسلالة الهولشتاين (34 بقرة محلية و16بقرة هولشتاين) والمختارة من بعض المربين في محافظة البصرة بالنسبة الى الابقار المحلية اما ابقار الهولشتاين فكانت من محطة ابقار القادسية. تم سحب عينات الدم ووضعت في انبوبة اختبار تحتوي على مادة مانعة التخثر لغرض استخلاص DNA ثم تم تضخيم جين *DGAT1* وتقطيعه للكشف عن التراكيب الوراثية لهذا الجين وركزت الدراسة الحالية على الكشف عن التراكيب الوراثية لجين *DGAT1* تم تضخيم جين *DGAT1*,

تقطيعه بواسطة انزيم (Taq1) وتم الحصول على الليلين هما الاليل A والاليل K ونتج عن ذلك ثلاثة تراكيب وراثية KK,AK,AA اذ اظهر التركيب الوراثي AA حزمة واحدة عند الموقع 411bp وkk ثلاثة حزم بأحجام 411 و110و85 واظهر التركيب الوراثي AK حزمتين بحجم 411bp و110 bp. امتازت سلالة االهولشتاين بوجود التركيب الوراثي KK و AK اما السلالة المحلية فقد امتازت بوجود التركيب الوراثي AA وAK . **الهدف من الدراسة**: تحديد التراكيب الوراثية لجين *DGAT1* في الابقار المرباة في العراق بأستخدام تقنية الPCR-RFLP

الكلمات المفتاحية: جين DGAT1, التراكيب الوراثية، PCR-RFLP

المقدمة

تعتبر الجينات التي تقع بالقرب من موقع الصفات الكمية (QTL) على الكروموسوم البقري من الجينات التي تشفر لا داء وظيفة معينة، ، ومن أبرز هذه الجينات هو جين Diacylglycerol Acyltrans fereace (*DGAT1*) والذي له دور وظيفي في انتاج الحليب ومكوناته (Dokso واخرون ,2015). يعد جين Diacylglycerol acyl-COA acyltransferase (***DGAT1***) جينا مرشحنا واعدا لصفات انتاج الحليب نظرا لدوره المهم باعتباره انزيما رئيسيا في تحفيز الخطوة النهائية لتخليق الدهون الثلاثية وبالتالي استخدام جين ***DGAT1*** البقري كدليل على أنتاج الحليب في الماشية (Samuel et al. 2022). تم تحديد موقع الجين ***DGAT1*** على الكروموسوم البقري (14) وتحديدا بالقرب او على موقع الصفة الكمية (Loci Trait Quantitative(QTL) وهو مسؤول بشكل مباشر عن تباين يقدر بنسبة **50 %** من محتوى الدهون في الحليب وكذلك كمية الحليب المنتجة في ابقار الحليب كما ان له دورا مهما في صفات الحليب(Agrawal و اخرون ,2018). ان الأساس في عمل هذا الجين (***DGAT1***) هو تحويل الدهون الثنائية (Diglycerol) الى دهون ثلاثية (Triglycerol) حيث يحفز على إكمال الخطوة النهائية لتكوين الكليسيريدات الثلاثية (Triglycerol) من خلال تشفيره لأنزيم diacylglycerol acyltransferase Acyl-COA- (Anton واخرون 2012). وكذلك وبنفس الطريقة يعمل جين (***DGAT1***) على تخليق الدهون الثلاثية التي تترسب في الكبد والامعاء الدقيقة والغدة اللبنية والانسجة الدهنية (Muiseوآخرون، 2014). يتألف جين (***DGAT1***) من 14117 زوج قاعدي (pb) تشكل 17 اكسون (Mohammed واخرون ,2015).

المواد وطرائق العمل

تم جمعت عينات الدم من سلالة الابقار المحلية المرباة في محافظة البصرة وبواقع 34 عينة اذ تم سحب 5مل من كل حيوان من الوريد الوداجي وجمعت عينات الدم لسلالة الهولشتاين والتابعة لمحطة ابقار القادسية وبواقع 16 عينة 5 مل من كل حيوان سحبت عينات الدم من الوريد الوداجي Jugular veinفي الرقبة باستعمال محقنة طبية سعة 10 مل بعد أن تم تنظيف منطقة الوريد الوداجي وعقمت بالكحول الأثيلي تركيز 70%. بعدها وضعت نماذج الدم في أنابيب تحتوي على مادة مانعة للتخثر (Ethylene Diamine Tetra Acetic Acid – EDTA) ثم حفظت بالتجميد بدرجة -18مْ لحين إجراء خطوات استخلاص الحامض النووي منقوص الأوكسجين DNA. تم استخلاص الDNA باستعمال عدة الاستخلاص **(Kit)** المجهزة من الشركةGenex الإيرانية تم اتباع خطوات الاستخلاص حسب تعليمات الشركة المجهزة. تم الكشف عن ال DNA باستخدام هلام الاكاروز بتركيز 1% تم قياس تركيز ونقاوة الحامض النووي DNA لكل عينة بواسطة جهازNano Drop المجهز من شرك Thermo scientific. تم تحديد التراكيب الوراثية لجين DGAT1K232Aمن خلال طريقة الاشكال المتعددة الاطوال أجزاء تقييد تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR-RFLP) حددت قطعة الجين المدروسة (Exon8) لجين (*DGAT1*)، اذ ان حجم القطعة قيد الدراسة (411)pb والتي تم الكشف عنها باستخدام تقنية PCR, والتي تقع ضمن قطعة (Exon8) لجين *(DGAT1)* الواقع على الكروموسوم 14.

تم استخدام البادئات ′3-GCACCATCCTCTTCCTCAAG-′5(F) للشريط الامامي-GGAAGCGCTTTCGGATG ′3 -′5 (R)للشريط الخلفي لتضخيم جزء 411pb من جين *DGAT1* البقري الذي يحتوي على استبدال ليسين \ ألنين (Exon8), تسلسل البادئ primers المستخدم في الدراسة استنادا لطريقة (Winterواخرون ,2002) على أساس تسلسل جين *DGAT1* وبالاعتماد على بنك الجينات NCBI. تم اجراء تفاعل الPCR في حجم 25 مايكرو ليتر يتكون من Master Mix (12.5) مايكرو ليتر والبادئ F- (1) مايكرو ليتر الامامي والخلفي R-(1 مايكرو ليتر) الDNA (5) مايكرو ليتر وماء مقطر (5.5) مايكرو ليتر. وتم اجراء تفاعل ال PCR باستخدام البرنامج التالي: مرحلة الدنتره الاولية عند درجة حرارة 94° لمدة 3 دقائق، عدد الدورات 35 عند درجة حرارة 94° لمدة 45 ثانية مرحلة فك الارتباط، الالتصاق 62° لمدة 60 ثانية، الاستطالة 72° لمدة 60 ثانية، المرحلة النهائية 72° لمدة 5 دقائق. تم الكشف عن منتج الPCR باستخدام هلام الاكاروز بتركيز 2%. استخدمت تقنية

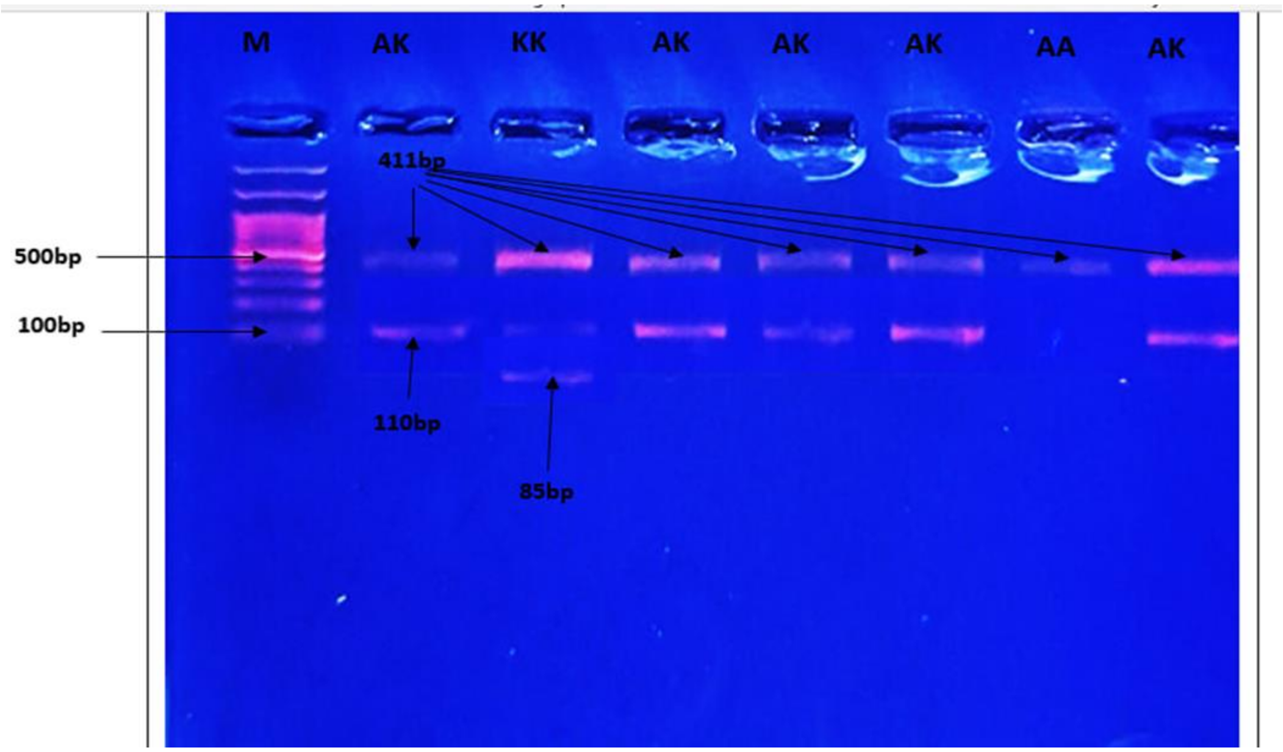
وطبقت الطريقة Random Fragments Length Polymorphism (RFLP) لتحديد الأشكال الوراثية لموقع جين *DGAT1* على ناتج PCR وفقا لـ Ciecierska *et al.*, (2013) مع اجراء بعض التعديلات اللازمة, تم الكشف عن التركيب الوراثي لجين ***DGAT1*** باستخدام الانزيم القاطع Taq1 اذ يتم القطع في التسلسل TCGA للشريط الامامي وذلك بين القاعدتين TC اما الشريط الخلفي فيقطع في التسلسل AGCT وذلك بين قاعدتين CT , تم ضبط تراكيز عينات الدنا الى 1 نانو غرام/مايكرو ليتر, تم تقطيع جين بوساطة أنزيم Taq1, تم تحضير خليط الهضم للعينات بدون أنزيم التقييد ومزجها بوساطة ماصة دقيقة Micropipette بعد ذلك تم إضافة أنزيم التقييد الى الخليط إذ أصبح المجموع النهائي للخليط 20 مايكرو ليتر وبعد ذلك تم وضعها في جهاز الطرد المركزي Spin لعدة ثواني. حيث كانت تراكيز المواد الداخلة في التفاعل الاتي 7DNA مايكرو ليتر، 0.5Taq1, Acetylated 0.2BSA, 10µg/µl مايكرو ليتر، 2RE Buffer 10x مايكرو ليتر، ماء مقطر 10.3, بعد ذلك تم تحضين العينات في حمام مائي على درجة حرارة 65 م ولمدة ساعة واحدة، تم الكشف عن الاليلات الناتجة باستخدام هلام الاكاروز بتركيز 2% حجم الاليلات اذ اظهرت نتائج ترحيل العينات المهضومة بأنزيم التقييد Taq1 هنالك الليلين هما A، K وثلاثة تراكيب وراثية هي AA وAK وKK.

واظهر التركيب الوراثي AA حزمة واحدة بحجم 411 bp والتركيب الوراثي KK ثلاثة حزم وبأحجام bp411,bp110 و85 bp على التوالي فيما اظهر التركيب الوراثي AK حزمتين احداهما بحجم bp411 والاخرى بحجم bp110.

النتائج والمناقشة

التشكل الوراثي لجين *DGAT1* وتكرارات الاليلات والتركيب الوراثية:

تم في هذه الدراسة استخدام تقنية **PCR-RFLP** لتحديد التراكيب الوراثية لجين *DGAT1* عند القاعدة A (17924) التي تتحول الى K. اذ حصل تضخيم في المنطقة **411bp** واظهرت النتائج وجود الليلين هما الاليل A والاليل K ونتج عن ذلك ثلاثة تراكيب وراثية هي AA، AK وkk، اذ اظهر التركيب الوراثي AA حزمة واحدة عند الموقع 411 bp وkk ثلاثة حزم بأحجام 411 و110 و85 اظهر التركيب الوراثي AK حزمتين بحجم 411bp و110bp. الشكل (1).



الشكل (1) يوضح حزم منتج الPCR والمقطعة بواسطة انزيم Taq1

تكرار التراكيب الوراثية:

بلغ تكرار التراكيب الوراثية AA وAK وKK 0.0 و0.25 و0.75 على التوالي في ابقار الفريزيان و0.12 و0.88 و0.0 على التوالي في الابقار الجنوبية وكان تكرار الاليل A وK 0.13 و0.87 في ابقار الفريزيان 0.56 و440 . في الابقار المحلية على التوالي. اختلف

توزيع التراكيب الوراثية بين السلالتين، اذ امتازت سلالة الفريزيان باختفاء التركيب الوراثي AA فيما ارتفع تكراره في السلالة الجنوبية وامتازت سلالة الابقار الجنوبية باختفاء التركيب الوراثي KK وارتفاعه في سلالة الفريزيان الجدول (1) والجدول (2).

وعند التحليل الاحصائي لتوزيع الاعداد حسب التراكيب الوراثية المختلفة ظهرت سلالة الهولشتاين بأنها متزنة حسب اتزان هاردي واينبيرغ وبلغت قيم مربع كاي.0.23 % واما السلالة الجنوبية فقد ظهرت انها غير متزنة باتزان هاردي وايمبرغ وبلغت قيم مربع كاي 20.42% كذلك عند توزيع التراكيب الوراثية وتكرار الاليلات لكلا السلالتين فكانت غير متزنه ضمن توازن هاردي وايمبرغ اذ بلغت قيمة مربع كاي 7.44 % لسلالتي الفريزيان والجنوبي معا على التوالي.

الجدول (1) تكرار الاليل والتراكيب الوراثية لجين DGAT1 في العينة المدروسة

التركيب الوراثي		AA	AK	KK	المجموع
الفريزيان	العدد	0.0	4	12	16
	التكرار	0.0	0.25	0.75	1.00
الجنوبي	العدد	4	30	0.0	34
	التكرار	0.12	0.88	0.0	1.00
تكرار الاليل (الفريزيان)	A	0.13	**قيمة مربع كاي لسلالة الفريزيان=0.23 (غير معنوي)**		
	K	0.87			
تكرار الأليل (الجنوبي)	A	0.56	**قيمة مربع كاي للسلالة الجنوبي =20.42 (معنوي)**		
	K	0.44			

جدول (2) توزيع التراكيب الوراثية وتكرار الاليلات لأبقار كلا السلالتين

التركيب الوراثي		AA	AK	KK	المجموع
كلا السلالتين	العدد	4	34	12	50
	التكرار	0.8	0.68	0.24	1.00
تكرار الليلات لكلا السلالتين	A	0.42	**قيمة مربع كاي =7.44 (معنوي)**		
	K	0.58			

كانت التكرارات الاليلية التي تم الحصول عليها والخاصة بجين *DGAT1* في هذه الدراسة مقاربة للتكرارات المبلغ عنها في دراسات أخرى والتي أجريت على مجموعة من سلالات ابقار الهولشتاين وفي بلدان مختلفة وعلى سبيل المثال، بلغ تكرار الأليل 0.54K (Kaupe et al. 2007)، 0.59(Szyda and Komisarek 2007) و0.60 (Spelman et al. 2002). ومع ذلك وجد ان هنالك اختلافات جوهرية بين التكرارات للتراكيب الوراثية في النتائج التي تم الحصول عليها في الدراسات السابقة اذ حصل (2007).,et al Kaupe في دراسة على ابقار الهولشتاين الألمانية على تكرارات للتراكيب الوراثية KK وKA وAA وهي 0.16 و0.51 و0.33 على التوالي. كانت هذه التكرارات 0.45 و0.26 و0.27 في دراسة (Szyda and Komisarek 2007) و0.38 و0.43 و0.18 في دراسة (Spelman et al. 2002).

لم تكن تكرارات النمط الجيني التي لوحظت في هذه الدراسة مشابهة لأي من هذه التكرارات لأنه لم يتم العثور على AA في دراستنا ضمن ابقار الهولشتاين. كما حصل (Houaga et al., (20018 في دراسة على التكرارات التالية 0.77 و0.92 في سلالة Borgou و White Fulani على التوالي، وكانت الأنماط الجينية في توازن هاردي واينبرغ. تم الإبلاغ سابقا عن وجود نسبة أعلى من الأليل K في سلالة ابقار بورجو الافريقية وسلالات الفولاني الأبيض الافرييقية (Houaga et al.، 2017).

ومع ذلك، تم الإبلاغ عن تكرار أقل من أليلK بلغ (0.40) في عجول هولشتاين فريزيان الهولندية (Schennink et al.، 2008). على الرغم من أن إدخال النيوكليوتيدات حدث في إنترون من جين *DGAT1*، فمن المهم ملاحظة أن الإنترونات تلعب دورا مهما في النسخ وربط الحمض النووي الريبوزي المرسال (Zhang *et al*.، 2010). وجد Komisarek(2011) في دراسته على الابقار الجرسي تكرار التركيب الوراثي AA كان اعلى من بقية التراكيب الوراثي GG وAG اذ بلغت (0.62 و0.33 و0.05) على التوالي بينما كان تكرار الاليل A وG (0.79 و0.21) على التوالي. كما اتفقت النتائج مع Rychtářová et al., (2014) في دراستهم على سلالة Czech Fleckvieh الألمانية حيث تم الحصول على تركيبين وراثيين هما AK وKK. وهذه النتيجة تؤكد ما تم الحصول علية في هذه الدراسة من ان سلالة الفريزيان تختوي على التركيب الوراثي KK وAK فقط. بينما بلغت التكرارات للاليلين A وK 0.28 و0.72 على التوالي في دراسة على ابقار الهولشتاين (KADLECOVA et al., 2014).

كذلك تطابقت النتائج التي تم الحصول عليها في ابقار الهولشتاين مع ما وجده Anggraeni (2019) اذ تم الحصول على تركيبين وراثيين AKوkk ولم يتم الحصول على التركيب الوراثي AA في دراسة على ابقار الهولشتاين فريزيان. وكذلك اتفقت النتائج مع ماوجده et al., Valenti (2019) حيث تم الحصول على التركيبين الوراثيين AK وKK ولم يتم الحصول على التركيب الوراثي AAاذ بلغت التكرارات (0.20 و0.80 و0.00) على التوالي وهذا يدل على ان الماشية المحلية وفي اغلب بلدان العالم تنفرد بتراكيب خاصة بها لجين *DGAT1* وخصوصا التركيب الوراثي AA ومنها الماشية الجنوبية العراقية.

معايير التباين الوراثي لجين *DGAT1*:

وعند تحليل التباين الوراثي الناتج من توزيع التراكيب الوراثية لجين *DGAT1* في كل من سلالة الفريزيان ابقار الجنوبي (8)، تماثلت السلالتان في عدد الاليلات المشاهدة فيما اظهرت السلالة الهولشتاين انخفاضا في عدد الاليلات المؤثرة اذ بلغ1.28 مقارنة مع السلالة المحلية 1.97 . ان عدد الاليلات المؤثر يوضح العدد المطلوب لاتزان هاردي واينبرغ، وهذا بدوره يعكس الحاجة المطلوبة الى اعداد متقاربة من الاليلات لغرض حصول الاتزان في مجموعتي الحيوانات المدروسة. اما بالنسبة لقيمة الخلط الاليلي المشاهد فقد امتازت السلالة المحلية بارتفاع هذه النسبة بالمقارنة بسلالة الهولشتاين وكانت قيمتها (88 و25%) للسلالتين على التوالي وكذلك اختلفت نسبة الخلط الاليلي المتوقع بين السلالتين وكانت قيمها (50 و23%) وبصورة عامة فان نسبة الخلط في السلالة الهولشتاين كانت منخفضة مما يعني ارتفاع التراكيب الوراثية الخليطة اي وجود تزاوج داخلي ضمن القطيع الواحد الذي يعمل على زيادة نسبة التراكيب الوراثية النقية والذي هو انعكاس لمدى التدفق الجيني والذي بلغ 0.945 % مما يعني انخفاض تواجد التراكيب الوراثية من خارج القطيع المدروس لاسيما في سلالة الهولشتاين والتي ظهر فيها معامل التربية الداخلية (دليل الثبات يساوي 0.143-) والذي يعني وجود نسبة من زواج الاقارب اعلى بكثير مما هو في سلالة الجنوبي والذي كانت قيمة دليل الثبات فيها 0.789- والاشارة السالبة تعكس التضريب او تزاوج الاباعد وعدم وجود تربية داخلية. وعند دراسة المسافة الوراثية بين السلالتين فقد كانت تساوي 0.322 % وهذه القيمة ضمن مدى المسافة الوراثية بين السلالات المختلفة بين الانواع الحيوانية.

يقترح ان لأليلA في الابقار درجه عالية من السيادة بسبب حقيقة ان قيمة متوسط الخلط الأليلي متماثلة بين الابقار المحلية والمضربة. ويمكن ان يقاس التنوع الوراثي لكمية الخلط الأليلي المشاهد والمتوقع والمستوى العالي لهما يمكن ان ينسب الى المستوى المنخفض من التربية الداخلية وانعدام الانتخاب، كما إن المستوى المنخفض جداً من التوالد الداخلي التي تتعلق بحجم العشيرة لا تستطيع ان تقود الى احتمالية ثبوت الأليلات ونسبة الخلط الأليلي مفيدة للعشيرة والتنوع الفردي.

الجدول (8) بعض معايير التباين الوراثي المرتبط بجين *DGAT1*.

المعيار		عدد الاليلات المشاهدة (na)	عدد الاليلات المؤثرة (ne)	دليل شانون (I)	الخلط الاليلي المشاهد (Ho) %	الخلط الاليلي المتوقع (He) %	دليل الثبات (Fis)	التدفق الجيني	المسافة الوراثية%
السلالة	الفريزيان	2.0	1.28	0.377	0.25	0.23	-0.143	0.945	0.322
	الجنوبي	2.0	1.97	0.686	0.88	0.50	-0.789		
كلا السلالتين		2.0	1.65	0.68	0.68	0.49	-0.396		

المصادر

Zhang, Q., Zhao, S., Zhang, L., Zhang, L., Wang, X., 2010. Polymorphisms in the promoter region of bovine PRKAB1gene. Mol. Biol. Rep. 37, 435–440

Agrawal. V, G. Gahlot, M. Ashraf, A. Kumar, and G. Dhakad .2018. Genetic Analysis of DGAT1 Loci Related to Milk Production Traits in Native Sahiwal Cattle. Int. J. of Livest. Res. 8(9): 136-142. doi:10.5455/ijlr.20170928050917.

Anggraeni, A. (2019, July). Genetic polymorphisms of the OLR1 and DGAT1 genes associated with milk components in Holstein Friesian dairy cattle under an intensive management in Central Java. In IOP conference series: earth and environmental science (Vol. 287, No. 1, p. 012001). IOP Publishing.

Anton. I, K. Kovacs, G. Hollo , V. Farkas , F. Szabo , I. Egerszegi , J. Ratky , A Zsolnai and K.P. Brussow. 2012. Effect of DGAT1, leptin and TG gene polymorphisms on some milk production traits in different dairy cattle breeds in Hungary. Archives Animal Breeding. 55: 307–314.

Ciecierska, D., Frost, A., Grzesiak, W., Proskura, W. S., Dybus, A., & Olszewski, A. (2013). The influence of fatty acid synthase polymorphism on milk production traits in Polish Holstein-Friesian cattle. Journal of Animal and Plant Sciences, 23(2), 376-379.

Dokso. A, A. Ivankovic, E. Zecevic, and B. Brka. 2015. Effect of DGAT1 gene variants on milk quantity and quality in Holstein, Simmental and Brown Swiss cattle breeds in Croatia. Mljekarstvo. 65(4): 238-242.

Houaga, I., Muigai, A. W., Ng'ang'a, F. M., Ibeagha-Awemu, E. M., Kyallo, M., Youssao, I. A., & Stomeo, F. (2018). Milk fatty acid variability and association with polymorphisms in SCD1 and DGAT1 genes in White Fulani and Borgou cattle breeds. Molecular biology reports, 45, 1849-1862.

Houaga, I., Muigai, A.W.T., Kyallo, M., Githae, D., Youssao, I.A.K., Stomeo, F., 2017. Effect of breed and Diacylglycerol acyltransferase 1 gene polymorphism on milk production traits in Beninese White Fulani and Borgou cows. Glob. J. Anim. Breed. Genet. 5, 403–412.

Kadlecová, V., Nemeckova, D., Jecminkova, K., & Stádník, L. (2014). The effects of polymorphism in the DGAT1 gene on energy balance and milk production traits in primiparous Holstein cows during the first six months of lactation. Bulgarian Journal of Agricultural Science, 20(1), 203-209.

Kaupe B., Brandt H., Prinzenberg E.M. & Erhardt G. (2007) Joint analysis of the influence of CYP11B1 and DGAT1 genetic variation on milk production, somatic cell score, conformation, reproduction and productive lifespan in German Holstein cattle. Journal of Animal Science 85, 11–21.

Komisarek, J., Michalak, A., & Walendowska, A. (2011). The effects of polymorphisms in DGAT 1, GH and GHR genes on reproduction and production traits in Jersey cows. Animal Science Papers and Reports, 29(1), 29-36.

Mohammed, S.A, S.A Rahamtalla, S.S. Ahmed, A. Elhafiz, B.M. Dousa, K.M Elamin and M.K.A. Ahmed .2015. DGAT1 gene in dairy cattle. Global Journal of Animal Scientific Research. 3(1): 191-198.

Muise, E. S, Y. Zhu, A. Verras, B. V. Karanam, J. Gorski, D. Weingarth, H. V. Lin DGAT, J. Hwa, J. R.Thompson, G. Hu, J. Liu, S. He, R. J. DeVita, D. M. Shen and S. Pinto.

2014. Identification and characterization of sebaceous gland atrophysparing 1 inhibitors. PLoS One. 9:e88908.

Rychtarova, J., Sztankoova, Z., Kyselova, J., Zink, V., Stipkova, M., Vacek, M., & Stolc, L. (2014). Effect of DGAT1, BTN1A1, OLR1, and STAT1 genes on milk production and reproduction traits in the Czech Fleckvieh breed. Czech J. Anim. Sci, 59(2), 45-53.

Samuel, B., Mengistie, D., Assefa, E., Kang, M., Park, C., Dadi, H., & Dinka, H. (2022). Genetic diversity of DGAT1 gene linked to milk production in cattle populations of Ethiopia. BMC Genomic Data, 23(1), 64.

Schennink A, Heck JM, Bovenhuis H, Visker MH, et al. (2008). Milk fatty acid unsaturation: genetic parameters and effects of stearoyl-CoA desaturase (SCD1) and acyl CoA: diacylglycerol acyltransferase 1 (DGAT1). J. Dairy Sci. 91: 2135-2143. http://dx.doi.org/10.3168/jds.2007-0825

Spelman R.J., Ford C.A., McElhinney P., Gregory G.C. & Snell R.G. (2002) Characterization of the DGAT1 gene in the New Zealand dairy population. Journal of Dairy Science 85, 3514–7

Szyda J. & Komisarek J. (2007) Statistical modeling of candidate gene effects on milk production traits in dairy cattle. Journal of Dairy Science 90, 2971–9.

Valenti, B., Criscione, A., Moltisanti, V., Bordonaro, S., De Angelis, A., Marletta, D., ... & Avondo, M. (2019). Genetic polymorphisms at candidate genes affecting fat content and fatty acid composition in Modicana cows: Effects on milk production traits in different feeding systems. Animal, 13(6), 1332-1340.

Winter , A, W. Kramer, F.A. Werner, S. Kollers, S. Kata, G. Durstewitz, J. Buitkamp, J.E. Womack, G. Thaller, and R. Fries .2002. Association of a lysine232/alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-CoA: diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content. Proceeding of National Academy of Sciences. USA. 99: 9300-9305.