

عنوان مقاله:

تأثیر محدودیت خوراکی پیش و پس از زایمان بر فراوانی mRNA ژن های کبدی مرتبط با بتا اکسیداسیون چربی در میش های دنبه دار

محل انتشار:

سومین کنفرانس ملی نوآوری در کشاورزی، علوم دامی و دامپزشکی (سال: 1399)

تعداد صفحات اصل مقاله: 9

نویسندگان:

زهرا حسن پور - دانشجوی گروه علوم دامی گرایش فیزیولوژی دام و طیور، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج، ایران

موسی زرین - استادیار بخش علوم دامی دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج، ایران

امیر احمدپور - دانشیار بخش علوم دامی دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج، ایران

مصطفی محقق دولت آبادی - استادیار بخش علوم دامی دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج، ایران

احمد عربان - گروه پاتولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه شیراز، ایران

ماهرخ نوری - فارغ التحصیل دانشجوی گروه علوم دامی گرایش فیزیولوژی دام و طیور، دانشکده کشاورزی، دانشگاه یاسوج، ایران

خلاصه مقاله:

بهمنظور بررسی تأثیر محدودیت خوراکی و تغییرات فیزیولوژیکی در خلال دوره انتقال بر فراوانی mRNA ژن های کبدیمرتبط با بتا اکسیداسیون در گوسفندان دنبه دار از 10 رأس میش آبستن با میانگین سنی سه تا چهار سال و وزن زنده $53 \pm 1/8$ (میانگین $\pm$ انحراف معیار) کیلوگرم که با رعایت اصول تصادفی سازی در دو گروه شاهد و محدودیت خوراکی با تعدادتکرار برابر ($n=5$) گروه بندی شده بودند، استفاده شد. در حدود پنج هفته مانده به زایمان میش های گروه محدودیت دسترسی آزاد به خوراک داشت؛ سپس در خلال سه هفته متوالی محدودیت پلکانی 50، 65 و 80 درصد جیره خوراکی راتجربه نمودند و در هفته آخر (منتهی به زایمان) مجدداً دسترسی آزاد به خوراک داشتند. این برنامه از هفته اول پس از زایمان، برای گروه محدودیت تکرار گردید. میشهای گروه شاهد در تمام دوره آزمایش بهطور آزادانه به خوراک دسترسیداشتند. بهمنظور بررسی تأثیر محدودیت خوراکی در دو دوره پیش و پس از زایمان بر بیان ژنهای کبدی مرتبط بابتا اکسیداسیون از بافت کبد گوسفندان هر دو گروه شاهد و محدودیت در انتهای هفته دوم محدودیت (65 درصد) پیش وپس از زایمان نمونهبرداری صورت گرفت. بافت کبدی (60-100 میلی گرم) تحت بی حسی موضعی با 10 میلی لیتر لیدوکائین دو درصد با سوزن بیوپسی برداشت شد. فراوانی mRNA ژنهای موردنظر با استفاده از فن qPCR و با سیستم پرایمر و پروب تگمن مورد ارزیابی قرار گرفتند. دستگاه fast 7500 ABI (Applied Biosystems) به منظور تعیین بیان نسبی mRNA مورد استفاده قرار گرفت. پیش از تجزیه وتحلیل داده ها، تغییر (Δ) برای هر متغیر محاسبه شد. برای آنالیز آماری نتایج به دست آمده و با استفاده از روش Mixed Model نرم افزار آماری SAS(9/2) استفاده شد. در این پژوهش فراوانی mRNA کارنتین پالمیتوئیل ترانسفراز2 (CPT II)، ترانسفراز1 (ACSL1)، کوآسینتاز1 (Long Chain) و آسید (Acyl-CoA Synthase) در هر دو دوره پیش و پس از زایمان بدون ایجاد تغییر معنی داری مشاهده شد و فراوانی mRNA ژن های CPTII و CPTI، ACSL و CPTII در هر دو گروه بدون تغییر باقی ماند. بررسی اثر زایمان بر فراوانی mRNA ژن های 1، ACSL، CPTI و CPTII نشان داد که فراوانی mRNA این ژن ها در هر دو گروه، تحت تأثیر زایمان قرار گرفتند و فراوانی mRNA در آنها افزایش معنی داری داشت ($P<0/05$). براساس این نتایج میتوان استنباط کرد عدم تأثیر پذیری گوسفندان دنبه دار از این مقدار محدودیت خوراکی که به عنوان یک مزیت نسبی برای این نوع گوسفندان می باشد، در مرحله بعد با تغییر در بیان ژنهای مرتبط با بتا اکسیداسیون در نتیجه زایمان، توانایی این گوسفندان در سازگاری برای تأمین نیازهای انرژی بدن از ذخایر چربی بدن را نشان می دهد.

کلمات کلیدی:

فراوانی mRNA، کبد، بتا اکسیداسیون، محدودیت غذایی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1181026>

