



حالتی بود که تنها از اطلاعات یک نسل برای برآورد اثرات استفاده می‌شد. طور کلی نتایج نشان داد افزایش تعداد نشانگر و مقدار وراثت پذیری و تعداد افراد مرجع باعث افزایش صحت پیش‌بینی ارزش های اصلاحی ژنومی می‌شود.

واژگان کلیدی: انتخاب ژنومی، تعداد نشانگر، ارزش اصلاحی ژنومی، وراثت پذیری

استفاده از روش Real time-PCR برای شمارش جمعیت پروتوزای شکمبه در جیره بره های پرواری

مهدی مرادی، حسین دقیق کیا، سیدعلیرضا وکیلی و علی حسین خانی

اهمیت پروتوزوآها در فیزیولوژی نشخوار و هضم در شکمبه باعث شده است که شناخت آنها دارای ضرورت ویژه‌ای در میحث فیزیولوژی تغذیه باشد. از روش های رایج مطالعه پروتوزوآهای شکمبه شمارش پروتوزوآها به روش ایوان و همکاران و رنگ آمیزی با استفاده از متیلن بلو اسیدی و ید لگول است. روش دقیقتر و با کارایی بهتر، استفاده از Real time-PCR می‌باشد. در روش های معمول مطالعه پروتوزوآهای شکمبه، معیارهای مورفولوژیک و ریخت شناسی از جمله تعداد و موقعیت مژک‌ها، شکل عمومی و زائده سوزنی دارای اهمیت است. هدف از تحقیق حاضر بررسی تاثیر استفاده از سطوح مختلف دانه جو جایگزین با پسماند رستوران در جیره بره‌های پرواری، بر جمعیت پروتوزای شکمبه بود. بدین منظور ۶ راس بره نر هیبرید (قزل × مرینوس، مرینوس × مغانی و قزل × بلوچی) انتخاب شدند. در جیره‌های پرواری مورد استفاده مقادیر صفر، ۵۰ و ۱۰۰ درصد دانه جو با پسماند رستوران، جایگزین شد. در روز ۴۵ پروراندی مایع شکمبه با استفاده از سوند معدی اخذ شده و پس از صاف شدن فوراً به فریزر با دمای ۲۰- درجه سانتیگراد انتقال یافت. به منظور استخراج DNA از کیت Accuprep Genomic DNA Extraction Kit; Cat No: K- 3032 استفاده شد. سپس کمی و کیفیت DNA های استخراج شده تعیین گردید. شمارش و تعیین کمی میکروارگانیسم های شکمبه بصورت مطلق با روش Real-time PCR با استفاده از دستگاه ۷۳۰۰ (Applied Biosystems) انجام شد. نتایج حاصل از آزمایش نشان داد که جایگزینی مقادیر مختلف دانه جو با پسماند رستوران در جیره بره های پرواری بر جمعیت کل پروتوزاهای شکمبه در مقادیر ۵۰ و ۱۰۰ درصد جایگزینی منجر به کاهش گردید اما از نظر آماری این اختلاف معنی دار نبود ($P < 0.05$). جمعیت پروتوزوای شکمبه تحت تاثیر عوامل مختلفی از جمله ترکیب شیمیایی جیره، نرخ عبور مواد هضمی از دستگاه گوارش، سطح مصرف خوراک، سن و pH شکمبه تغییر می کند.

واژگان کلیدی: بره پرواری، شکمبه، پروتوزوا، Real time-PCR

اثر افزایش تعداد افراد مرجع بر برآورد صحت ارزش اصلاحی

ندا محمدی چماچار، سید حسن حافظیان، محمود هنرور

دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نژاد دام دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی ساری

دانشیار گروه علوم دامی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

استادیار گروه علوم دامی دانشگاه آزاد اسلامی واحد شهر قدس

Nedamohamadi66@yahoo.com

با دسترسی به نقشه‌های نشانگری با تراکم بالا و سیستم تعیین ژنوتیپ کارآمد، انتخاب ژنومیک پیشرفت ژنتیکی سریعتری نسبت به روش‌های انتخاب موجود بر پایه فنوتیپ و شجره ارائه داده است. جهت بررسی تاثیر تعداد افراد مرجع بر صحت پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی ژنومی (GEBV)، ژنومی متشکل از ۴ کروموزوم هر یک به طول ۲۵ سانتی مورگان با ۲۰۰ نشانگر SNP با فواصل منظم در طول ژنوم و تعداد ۲۰ QTL که بر روی کروموزوم‌ها به صورت تصادفی پراکنده شده بودند، شبیه‌سازی شد. بعد از ۵۰ نسل آمیزش تصادفی (بمنظور ایجاد عدم تعادل پیوستگی) در یک جمعیت با اندازه موثر ۱۰۰ فرد