

Форма, размер и вязка батонов	Батоны прямые, длиной до 50 см, с двумя металлическими клипсами на концах батона.	Батоны прямые, длиной до 50 см, с двумя металлическими клипсами на концах батона.
Массовая доля влаги, %	38	40
Массовая доля соли, %	3-6	3,5
Массовая доля NaNO ₂ , % не более	0,003	0,003

По данным лабораторных физико-химических и органолептических исследований табл. 1, можно сделать вывод, что сырокопченая колбаса «Брауншвейгская», производимая на ЧМПЗ практически полностью соответствует требованиям ГОСТа, за исключением превышения массовой доли влаги на 2%, что практически не отражается на органолептических качествах колбасы, но может привести к сокращению срока хранения данной продукции при рекомендуемых условиях. Для решения этой проблемы нужно четко следить за соблюдением рецептуры, составленному на предприятии сырьевому расчету, отрегулировать режимы влажности и температуры в климаткамерах, качественно отрегулировать оборудование по копчению и процесс сушки на соответствующей технологической стадии производства.

Литература:

1. Журавская Н.И., Гутник Б.Е., Журавская Н.А. Технологический контроль производства мяса и мясопродуктов. - М.: Колос, 2001.-176с.
2. Рогов И.А., Забаште А.Б., Казюлин Г.П. Общая технология мяса и мясопродуктов. - М.: Россельхозиздат, 2000.- 367с.

УДК 636.1

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ НАРЫМСКОЙ ЛОШАДИ THE GENETIC STRUCTURE OF NARYM HORSE POPULATION

Кузнецова М.М.
KUZNETSOVA M.M.

ВСЕРОССИЙСКИЙ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ КОНЕВОДСТВА
THE ALL-RUSSIAN RESEARCH INSTITUTE FOR HORSE BREEDING

The genetic structure of Narym horse population was investigated by genotyping animals (n=19) for 17 microsatellite loci. 116 alleles were detected and mean number alleles per locus were 4.64. The observed and expected heterozygosity were 0.7566 and 0.7740 accordingly.

Изучение генофонда местных пород лошадей представляет интерес в плане оригинальности генетической структуры и выявления полигенов, отвечающих за высокие адаптивные качества животных. Местные породы лошадей не только обладают исключительно высокими адаптивными качествами, но и являются живыми памятниками культуры создавших их народов и представляют огромную историко-этнографическую ценность.

Целью проводимых исследований являлась оценка генетической структуры популяции нарымской и интеграция полученной информации в систему данных о генетическом разнообразии в популяциях пород лошадей мира.

Материалом для исследования послужило поголовье лошадей местной породы Парабельского района Томской области. Образцы крови были протипированы в лаборатории генетики ВНИИ Коневодства по 17 локусам микросателлитной ДНК.

ДНК выделяли из волосяных лукович с помощью набора «ExtraGene DNA Prep 200» (производство «Изоген», г. Москва), амплифицировали с использованием набора праймеров «StockMarks». Амплификаты анализировали на генетическом анализаторе ABI 3130 Genetic Analyzer фирмы Applied Biosystems.

В популяции нарымской лошади в 17 микросателлитных локусах было протипировано 116 аллелей (таблица 1). Максимальное число аллелей – 10, обнаружено в локусе ASB17. Максимальное эффективное число аллелей составило от 7,1 и 7 в локусах ASB17 и VHL20 соответственно, до 2,1 в локусе HTG6 – 2,1. В среднем на локус эффективное число аллелей составило 4,64.

По 16 локусам микросателлитной ДНК (локус LEX 3 локализован на X-хромосоме) число эффективно действующих аллелей составляет 4,64. Средняя наблюдаемая и средняя ожидаемая гетерозиготность равны соответственно 0,7560 и 0,7740.

Наибольшее значение показателя гетерозиготности отмечено в локусе SA425 – 100%, наименьшее – 0,1905 в локусе HTG6. Средний уровень гетерозиготности, рассчитанный по 16 локусам (LEX3 локализован на X-хромосоме) составил 0,7560.

Таблица 1 – Основные популяционно-генетические характеристики изученной популяции по 17 локусам микросателлитной ДНК

Локус	Обнаруженные аллели	A _e	H _o	H _e	PIC	F _{is} ***	
						W&C	R&H
VHL20	I, J, L, M, N, O, P, R, Q	7,00	0,8571	0,8780	0,841	0,0244	-0,0035
HTG4	K, L, M, N, O, P	3,34	0,6667	0,7178	0,665	0,0728	0,0501
АНТ4	H, I, J, K, L, N, O, P	4,79	0,8571	0,8107	0,764	-0,0588	0,0337
HMS7	J, K, L, M, N, O, P*, Q	5,73	0,9048	0,8455	0,802	-0,0719	-0,0629
HTG6	G, I, J, O	2,09	0,1905	0,5331	0,464	0,6484	0,4312
АНТ5	J, K, L, M, N, O	5,48	0,7143	0,8374	0,791	0,1501	0,1047
HMS6	K, L, M, N, O	2,57	0,7619	0,6260	0,568	-0,2237	-0,1245
ASB23	J, K, L, S, U	4,24	0,7619	0,7700	0,727	0,0108	0,0238
ASB2	I, K, L, M, N, O, Q	4,34	0,7619	0,7886	0,737	0,0347	0,0487

HTG10	I,K,L,M,N, O,P,Q,R	5,35	0,8571	0,8328	0,795	-0,0300	-0,0177
HTG7	K,M,N,O	3,17	0,6190	0,7015	0,633	0,1201	0,0850
HMS3	I,M,N,O,P,R,S	3,87	0,6667	0,7596	0,717	0,1250	0,1653
HMS2	H,I,J,K,L,M,R	4,93	0,8571	0,8165	0,768	-0,0511	-0,0180
ASB17	F, I, J, K, M, N, O, P, Q, R, S	7,06	0,9048	0,8792	0,843	-0,0298	0,0660
LEX3**	F,H,L,M,N,O,P	5,88	0,4286	0,8502	0,808	-	-
HMS1	I,J,K,L,M,N	3,89	0,7143	0,7607	0,706	0,0625	0,0765
CA425	G,I,J,L,M,N,O	5,16	1,0000	0,8258	0,779	-0,2174	-0,1458

Примечание: * аллель в популяциях лошадей российской селекции не обнаружен; ** locus локализован на X-хромосоме; *** рассчитано в программе Genepop for Windows version 4.0.10 [4]; W&C – рассчитано по Weir, Cockerham, 1984 [5]; R&H – рассчитано по Robertson, Hill, 1984 [3]

Статистически значимые величины индекса фиксации были получены только для двух локусов: CA425 ($p = 0,0123$) и HTG6 ($p = 0,0004$). Практически все локусы, кроме HTG6, имеют значение PIC > 0,5 и относятся к высокоинформативным маркерам. Лocus HTG6 имеет значение PIC равное 0,464 и относится к умеренно информативным маркерам. Выявленный у нарымской лошади аллель HMS7^p не обнаружен в заводских и локальных породах лошадей российской селекции.

Оценка основных параметров генетического разнообразия показала, что нарымская лошадь характеризуется достаточно высоким уровнем генетической изменчивости. В полиморфном состоянии находятся 100% проанализированных локусов, при этом 99,3% выявленных аллелей являются общими для популяций нарымской лошади, российских и европейских заводских и местных пород. В популяциях сибирских аборигенных лошадей практически в каждом локусе преобладает общий аллель. Различия между популяциями проявляются в основном по частотам общих и составу редких аллелей.

Степень генетических различий между нарымской лошастью и рядом европейских и азиатских пород [1] была установлена на основании расстояний Рейнольдса [2], рассчитанных между сравниваемыми парами популяций по частотам аллелей 12 локусов микросателлитной ДНК (рисунок 1).

Нарымская лошадь относится к монгольской ветви, генетические расстояния варьируют в достаточно широких пределах: от 0,0380 до 0,1905. Наибольшее сходство с нарымской лошастью по генетической структуре имеют географически близкие популяции хакасской и забайкальской лошадей.

Литература:

1. Luí's C. et al. Genetic diversity and relationships of Portuguese and other horse breeds based on protein and microsatellite loci variation//Animal Genetic, 2007 Vol. 38. P. 20 – 27
2. Reynolds, J., Weir B.S., and Cockerham C.C. Estimation of the coancestry coefficient: Basis for a short-term genetic distance. Genetics, 1983 Vol. 105. P. 767-779
1. Robertson, A. & Hill, W. G. Deviations from Hardy-Weinberg proportions: sampling variances and use in estimation of inbreeding coefficients. Genetics, 1984. Vol. 107. P. 703-718.
2. Rousset, F. Genepop'007: a complete reimplementation of the Genepop software for Windows and Linux. Mol. Ecol. Resources, 2008. Vol. 8. P. 103-106
3. Weir, BS, Cockerham, CC . Estimating F-Statistics for the analysis of population structure. Evolution, Vol. 38. P. 1358–1370