

С.В. Николаев ✉
 В.С. Матюков
 А.В. Филатов

Тюменский научный центр Сибирского
 отделения Российской академии наук,
 Тюмень, Россия

✉ semen.nikolaev.90@mail.ru

Поступила в редакцию: 24.07.2024
 Одобрена после рецензирования: 01.10.2024
 Принята к публикации: 18.10.2024

© Николаев С.В., Матюков В.С., Филатов А.В.

Внутрипопуляционная генетическая дифференциация стада северных оленей Ямальской опытной станции

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Повышение рентабельности северного оленеводства возможно путем внедрения современных методов ведения селекционно-племенной работы, в том числе основанного на популяционно-генетическом анализе.

Методы. Полиморфизм микросателлитов по 16 локусам у северных оленей ненецкой породы ($n = 100$) изучали с использованием набора COrDIS Reindeer. В программе Structure 2.3.4. генотипированных животных разделили на кластеры и по вероятности генетического соответствия объединили в группы. По каждой группе провели оценку основных генетических параметров, рассчитали степень генетического сходства между кластерами (k) и популяцией (Pop) в целом.

Результаты. Максимальное количество наблюдаемых и эффективных STR-аллелей установили в k_5 (6,188 и 3,903 соответственно). По величине индекса Шеннона минимальным генетическим разнообразием ($I = 1,202$) характеризовался первый кластер, пятый — напротив, максимальным ($I = 1,414$). По k_1 , k_4 и k_5 установлен незначительный избыток гетерозигот ($-0,061$ – $0,029$), а в целом по популяции отмечалась их небольшая редукция ($F_{is} = 0,017$). У особей k_1 выявлены приват-аллели Rt6186 и C276259 с суммарной частотой 0,060, характерные для k_2 микросателлиты Rt7240 и FCB193138 встречались с общей частотой 0,079, в k_4 суммарная частота встречаемости приват-аллелей Rt1267, BMS745330, NVHRT16142 составила 0,100, в k_5 приват-аллели BMS1788150, Rt30223, Rt7254, OheQ299, Rt24248 обнаружили у 21,9% животных. Генетическая дистанция (DN) была минимальной между k_2 и k_4 (0,043), максимальной — между k_2 и k_3 (0,119). По отношению к популяции в целом максимальная генетическая дистанция прослеживалась у k_3 (DN = 0,049), а наименьшая — у k_2 (DN = 0,025). Самая высокая оценка по Dest-статистике получена при сравнении пар Pop- k_1 и Pop- k_3 (Dest = 0,021) и отсутствовала между Pop- k_2 и Pop- k_5 (Dest = $-0,004$ – $0,002$).

Ключевые слова: северные олени, генетическая оценка, аллельное разнообразие, генофонд, кластеризация, генетическая дистанция

Для цитирования: Николаев С.В., Матюков В.С., Филатов А.В. Внутрипопуляционная генетическая дифференциация стада северных оленей Ямальской опытной станции. *Аграрная наука*. 2024; 388(11): 82–86.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-388-11-82-86>

Сemyon V. Nikolaev ✉
 Valery S. Matyukov
 Andrey V. Filatov

Tyumen Scientific Center of the Siberian
 Branch of the Russian Academy of Sciences,
 Tyumen, Russia

✉ semen.nikolaev.90@mail.ru

Received by the editorial office: 24.07.2024
 Accepted in revised: 01.10.2024
 Accepted for publication: 18.10.2024

© Nikolaev S.V., Matyukov V.S., Filatov A.V.

Intrapopulation genetic differentiation of reindeer herd of Yamal experimental station

ABSTRACT

Relevance. Increasing the profitability of reindeer husbandry is possible through the introduction of modern methods of conducting breeding work, including using population genetic analysis.

Methods. The DNA of Nenets reindeer ($n = 100$) was studied with respect to 16 microsatellite markers using the COrDIS Reindeer kit. Based on genetic similarity, in the Structure 2.3.4 program, animals were divided into clusters, in each of which the main genetic parameters were evaluated, as well as the degree of genetic similarity between clusters (k) and the population (Pop) as a whole was calculated.

Results. It was found that the maximum number of observed and effective microsatellites was present in k_5 (6,188 and 3,903, respectively). The first cluster was characterized by a lower genetic diversity ($I = 1,202$), the fifth — on the contrary, the maximum ($I = 1,414$). For k_1 , k_4 and k_5 , there was a slight deviation towards an excess of heterozygotes ($-0,061$ – $0,029$), and in general, a slight shift towards an increase in inbreeding was noted for Pop ($F_{is} = 0,017$). Private alleles Rt6186 and C276259 with a total frequency of 0.060 were detected in k_1 , Rt7240 and FCB193138 with a total prevalence of 0.079 in k_2 , the occurrence of private alleles Rt1267, BMS745330, NVHRT16142 was 0.100 in k_4 , and specific microsatellites in k_5 BMS1788150, Rt30223, Rt7254, OheQ299, Rt24248 were found in 21.9% of animals. The genetic distance (DN) was minimal between k_2 and k_4 (0.043), and maximal between k_2 and k_3 (0.119). In relation to Pop, the maximum distance was viewed to k_3 (DN = 0.049), and the smallest to k_2 (DN = 0.025). The most noticeable true allelic differentiation was observed between Pop- k_1 and Pop- k_3 samples (Dest = 0.021), and there was no gap between Pop- k_2 and Pop- k_5 (Dest = -0.004 – 0.002).

Key words: reindeer, genetic assessment, allelic diversity, gene pool, clustering, genetic distance

For citation: Nikolaev S.V., Matyukov V.S., Filatov A.V. Intrapopulation genetic differentiation of reindeer herd of Yamal experimental station. *Agrarian science*. 2024; 388(11): 82–86 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-388-11-82-86>

Введение/ Introduction

Северное оленеводство — ведущая отрасль животноводства на Крайнем Севере России, которая является одной из древнейших форм хозяйственной деятельности и источником доходов коренных народов [1]. Рентабельность оленеводства, как и любой отрасли животноводства, во многом зависит от эффективности селекционно-племенной работы [2, 3]. Несмотря на огромные достижения в генетике и селекции, информационных технологий, племенная работа в северном оленеводстве ведется устаревшими, традиционными методами.

Как правило, в оленеводстве отсутствуют племенной учет, учет индивидуальной продуктивности животных. Оценка продуктивности осуществляется визуально, по фенотипическим признакам, в первую очередь по упитанности и рослости [3–5]. Поэтому для дальнейшего развития оленеводства необходимо совершенствовать уровень племенной работы за счет применения современных методов селекции и разведения. Такими подходами являются внедрение и использование в оленеводстве маркер-ассоциированной и геномной селекции [6, 7].

Микросателлиты (STR-маркеры, короткие tandemные повторы) считаются удобными и доступными маркерами для проведения генетического анализа. Это обусловлено высоким уровнем их полиморфизма и повторяемостью результатов генотипирования [8]. STR-маркеры используют для генетической экспертизы происхождения, оценки генетического разнообразия, исследования генезиса и генетической дифференциации пород, популяций и др. Анализ полиморфизма микросателлитов может сочетаться в комплексе с изучением полиморфизма структурных или митохондриальных генов [9–11].

Генофонды популяций северных оленей формируются в результате микроэволюционных процессов, в основном дрейфа генов при реализации случайных спариваний особей, давления естественного отбора и антропогенных технологических факторов. В результате миграции особей из других стад и хозяйств, скрещивания с дикими особями, неконтролируемой элиминации животных генетические процессы в популяциях трудно поддаются прогнозу [12].

Тем не менее для оценки генетического разнообразия, минимизации инбридинга в процессе разведения возникает необходимость проведения генетического анализа популяций (пород, стад) северных оленей [13]. При этом выборочная оценка должна осуществляться прижизненно преимущественно по особям, которые представляют репродуктивную ценность и вносят существенный вклад в формирование будущего генофонда.

Цель исследования — провести оценку внутривидовой генетической дифференциации стада северных оленей ненецкой породы.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Исследования выполнены в 2023–2024 гг. в лаборатории северного оленеводства Тюменского научного центра Сибирского отделения Российской академии наук.

Объектом исследований служили северные олени ненецкой породы Ямальской опытной станции Тюменского НЦ СО РАН (г. Салехард). Образцами для ДНК-анализа являлись кусочки тканей ушной раковины животных ($n = 100$). Отбор проб осуществляли путем отсечения мягких тканей щипцами для ушных выщипов во время проведения бонитировки. Образцы помещали в пластиковые пробирки типа Эппендорф, консервировали этиловым 96%-ным спиртом.

Молекулярно-генетические исследования проведены в Российской инновационной биотехнологической компании ООО «Гордиз» (г. Москва, Россия). Выделение ДНК осуществляли с использованием набора DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Германия), амплификацию — на термоциклере Labcyler (SensoQuest, Германия). Генотипирование выполнено по 16 микросателлитным локусам (Rt6, BMS1788, Rt30, Rt1, Rt9, Rt7, Rt24, FCB193, BMS745, NVHRT16, OheQ, C217, C32, T40, C276, C143) с помощью набора CoDIS Reindeer (ООО «Гордиз», Россия) методом мультиплексного ПЦР-анализа с последующей детекцией флуоресцентно меченых фрагментов в условиях капиллярного электрофореза. Специфичность генотипирования проверяли, используя контрольные образцы, входящие в состав набора.

На основе установленного микросателлитного профиля исследуемую выборку северных оленей в программе Structure 2.3.4 (Pritchard Lab, Stanford University, USA) подразделяли от 2 до 10 кластеров. Уровень кластеризации, обеспечивающий максимальную внутреннюю однородность и внешнюю дифференциацию, использовали для деления животных на группы в зависимости от апостериорной вероятности (Q) принадлежности к кластерам.

Из особей, вероятность членства которых в конкретном кластере была максимальной, сформировали группы. С применением программы GenAlEx 6.503¹ по группам, выделенным в каждом кластере, определили основные генетические параметры: число наблюдаемых (N_A) и эффективных (N_E) аллелей, индекс Шеннона (I), уровень наблюдаемой (H_O) и ожидаемой (H_E) гетерозиготности, индексы фиксации (F_{IS} , F_{ST}), число частных аллелей, их частоту (q) и сумму частот (Σq).

Генетические дистанции между кластерами (k) и популяцией в целом (Pop) рассчитали различными способами: D_N , uD_N^2 , G_{st} , G'_{stN} , G'_{stH} , G''_{st} , D_{est} ³.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Исследование в программе Structure выборки генотипированных по 16 микросателлитным локусам животных показало низкую генетическую дифференциацию между особями. Максимальный уровень дифференциации был установлен при подразделении выборки на 5 кластеров (рис. 1).

В результате деления на кластеры при $k = 5$ (табл. 1) были сформированы группы с численностью от 16 до 25 животных с минимальной вероятностью принадлежности к кластеру от 0,213 (k_2), максимальной — до 0,610 (k_2). Средние значения Q находились в пределах 0,257–0,366.

¹ Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software. for teaching and research-an update. Bioinformatics. 2012; 28: 2537–2539.

² Кузнецов В.М. Методы Нея для анализа генетических различий между популяциями. Проблемы биологии продуктивных животных. 2020; 1: 91–110.

³ Кузнецов В.М. Сравнение методов оценки генетической дифференциации популяций по микросателлитным маркерам. Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2020; 21: 2: 169–182. DOI: 10.30766/2072-9081.2020.21.2.169-182

Рис. 1. Визуализация генетической гетерогенности исследуемой выборки северных оленей, разделенной на 5 кластеров: по оси X — списочные номера животных; по оси Y — вероятности членства в кластерах: k1 — красный, k2 — зеленый, k3 — синий, k4 — желтый, k5 — сиреневый

Fig. 1. Visualization of the genetic heterogeneity of the studied sample of reindeer, divided into 5 clusters: on the X axis — the list numbers of animals; on the Y axis — the probability of membership in clusters: k1 — red, k2 — green, k3 — blue, k4 — yellow, k5 — lilac

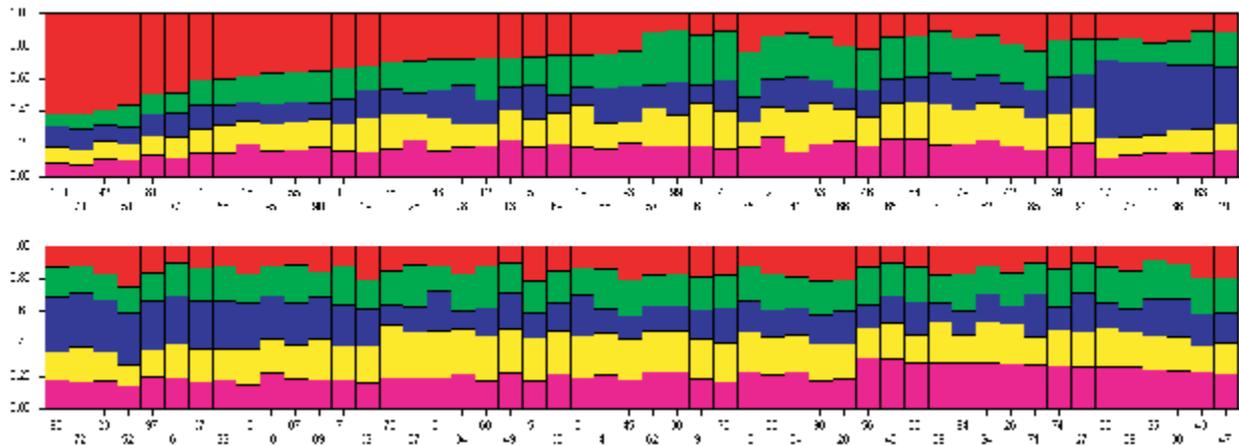


Таблица 1. Численность и показатели вероятностей кластерной принадлежности особей

Table 1. The number and probability indicators of cluster membership of individuals

k	N	Q (апостериорная вероятность)		
		min	max	mean
1	25	0,288	0,610	0,366
2	20	0,213	0,324	0,265
3	19	0,229	0,481	0,328
4	20	0,214	0,325	0,257
5	16	0,217	0,318	0,270

Проведенная в программе GenAIEx генетическая оценка показала (табл. 2), что в исследованной выборке присутствуют 119 аллелей (в среднем по 7,438 на локус). Максимальное количество наблюдаемых микросателлитов пришлось на k5 (6,188), минимальное — на k3 (5,188). Число эффективных аллелей было наибольшим в k5 (3,903), наименьшим — в k1 (3,110). Одновременно первый кластер по значению индекса Шеннона характеризовался меньшим генетическим разнообразием ($I = 1,202$), пятый — напротив, максимальным ($I = 1,414$). В целом уровень аллельного разнообразия исследуемой популяции составил 1,413. Наблюдаемая средняя гетерозиготность особей в k5 была выше на 0,083, чем в k1, а ожидаемая — на 0,074. Разница несмещенного показателя ожидаемой гетерозиготности между 1 и 5 кластерами составила 0,051.

Оценка F-статистики показала, что по k1, k4 и k5 присутствовал незначительный избыток гетерозигот (-0,061–0,029), по k2 и k3 установили соответствие наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности. В целом по Pop отмечена небольшая редукция гетерозигот, что косвенно указывает на присутствие незначительного инбридинга и снижения генетического разнообразия в исследуемой выборке северных оленей.

Полокусный анализ соответствия наблюдаемого распределения частот генотипов ожидаемому по закону Харди — Вайнберга показал (табл. 3), что по всем кластерам, за исключением локуса C276 k2 ($p \leq 0,05$), отсутствуют значимые отклонения. В целом в Pop установили статистически значимое отклонение наблюдаемого распределения генотипов от ожидаемого по локусам RT6 ($p \leq 0,05$), RT24 ($p \leq 0,001$) и C217 ($p \leq 0,05$).

Таблица 2. Характеристика популяции северных оленей, подразделенных на кластеры по основным генетическим показателям

Table 2. Characteristics of the reindeer population divided into clusters according to the main genetic indicators

k		Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F _{is}
1 (n=25)	X	5,625	3,110	1,202	0,608	0,591	0,603	-0,029
	Sx	0,625	0,347	0,135	0,066	0,058	0,060	0,043
2 (n=19)	X	6,250	3,715	1,356	0,635	0,631	0,648	0,002
	Sx	0,574	0,474	0,142	0,066	0,060	0,062	0,033
3 (n=20)	X	5,188	3,436	1,269	0,638	0,632	0,648	0,001
	Sx	0,614	0,364	0,138	0,064	0,055	0,056	0,040
4 (n=20)	X	5,875	3,453	1,303	0,656	0,621	0,637	-0,061
	Sx	0,515	0,390	0,135	0,065	0,061	0,062	0,024
5 (n=16)	X	6,188	3,903	1,414	0,691	0,665	0,686	-0,032
	Sx	0,702	0,463	0,141	0,061	0,053	0,055	0,037
Pop (n=100)	X	7,438	3,827	1,413	0,642	0,651	0,654	0,017
	Sx	0,713	0,453	0,143	0,059	0,057	0,057	0,010

Таблица 3. Значимость (P) различий нарушения равновесия по Харди — Вайнбергу (HWE) для каждой комбинации «выборка — локус»

Table 3. Significance (P) of the Hardy–Weinberg (HWE) imbalance differences for each “sample — locus” combination

Локус	Кластеры					Pop
	1	2	3	4	5	
BMS1788	0,976	0,741	0,733	0,080	0,271	0,327
RT30	0,141	0,948	0,438	0,844	1,000	0,999
RT1	0,982	0,360	0,902	0,065	0,390	0,517
RT9	0,918	0,462	0,515	0,194	0,711	0,587
C143	0,545	0,967	0,831	0,939	0,460	0,474
RT7	0,284	0,980	0,723	0,577	0,985	0,985
ONEQ	0,828	0,969	0,954	0,974	0,957	0,979
FCB193	0,811	0,440	0,535	0,709	0,581	0,695
RT6	0,928	0,887	0,789	0,996	0,111	0,027
RT24	0,179	0,734	0,926	0,649	0,013	0,000
BMS745	0,379	0,142	0,128	0,987	0,262	0,311
NVHRT16	0,091	0,603	0,523	0,804	0,381	0,492
T40	0,652	0,578	0,876	0,771	0,650	0,598
C276	0,999	0,011	0,954	0,996	0,463	0,095
C217	0,853	0,934	0,274	0,285	0,019	0,023
C32	–	0,906	–	–	0,920	0,916

Анализ специфичных для каждого кластера аллелей показал (табл. 4), что по k1 и k2 выявлены по 2 приват-аллеля: по локусам Rt6 и C276 с суммарной частотой 0,060; Rt7²⁴⁰ и FCB193¹³⁸ с общей частотой 0,079 соответственно. Встречаемость 3 приват-аллелей в k4 составила 0,100, которые находились в локусах Rt1, BMS745, NVHRT16. Пятый кластер характеризовался максимальным значением частот специфичных микросателлитов ($\Sigma q = 0,219$), находящихся в 5 локусах: BMS1788, Rt30, Rt7, OheQ, Rt24. В отличие от других кластеров, k3 не имел приват-микросателлитов, что, по-видимому, обусловлено высокой генетической гомогенностью и наименьшим аллельным разнообразием животных данной группы.

Оценка генетического сходства между сформированными группами показала, что минимальная генетическая дистанция, рассчитанная по Нею (табл. 5, рис. 2), установлена между k2 и k4 (0,043), максимальная — между k2 и k3 (0,119). Вариация несмещенных оценок генетической дивергенции по Нею была ниже некорректированных, а между k2 и k4 вообще отсутствовала. Парные оценки генетических дистанций между группами (кластерами), рассчитанные разными методами, дали сходные результаты ранжирования величин генетического различия.

Сравнение аллельных характеристик между отдельными кластерами и популяцией в целом с использованием различных статистических подходов выявило некоторые различия. Так, стандартная генетическая дистанция Нея характеризовалась наибольшим значением при сравнении Pop с k3 ($D_N = 0,049$), а наименьшим — Pop с k2 ($D_N = 0,025$), при этом, по несмещенной оценке, различий по парам Pop-k2 и Pop-k5 не выявили ($uD_N = 0,000$). Выраженная удаленность k3 от популяции в целом подтверждает высокую внутреннюю генетическую гомогенность и низкую аллельную дифференциацию животных данного кластера.

Дистанция между популяцией и кластерами, основанная на индексе фиксации, была максимальной по парам Pop-k1 ($F_{st} = 0,013$) и Pop-k3 ($F_{st} = 0,013$), минимальной — по Pop-k2 ($F_{st} = 0,007$). G_{st} -статистика между выборками P-k1 и P-k3 была наибольшей ($G_{st} = 0,006$), а по Pop-k2 и Pop-k5 — наименьшей ($G_{st} = -0,001$). Нормированные оценки коэффициентов генной дифференциации по Нею (G_{stN}) и Хедрику (G_{stH} , G_{st}^*) имели сходную закономерность. D_{est} -статистика показала максимальную генетическую дифференциацию между Pop-k1 и Pop-k3 ($D_{est} = 0,021$), минимальную — для Pop-k2 ($D_{est} = -0,004$).

Выводы/Conclusions

Деление популяции с помощью программы Structure 2.3.4 на 5 кластеров позволило с невысокой вероятностью членства в собственном кластере сформировать генетически дифференцированные группы особей, из которых наибольшим аллельным разнообразием обладали животные, отнесенные к k5, а наименьшим — к k1.

Кластеризация позволила выявить приват-аллели, наибольшее количество которых было характерно для k5. Используя различные способы оценки генетического различия, наиболее дистанцированными по отношению к аллелофонду исследованной популяции можно считать k1 и k3.

По стаду северных оленей ненецкой породы Ямальской опытной станции в целом наблюдали незначительную редукцию гетерозигот, минимизировать которую

Таблица 4. Приват-аллели, выявленные у генотипированных особей, разделенных на кластеры

Table 4. Private alleles identified in genotyped individuals divided into clusters

Кластер	Локусы	Микросателлит	q	Σq
1	Rt6	186	0,020	0,060
	C276	259	0,040	
2	Rt7	240	0,053	0,079
	FCB193	138	0,026	
4	Rt1	267	0,050	0,100
	BMS745	330	0,025	
	NVHRT16	142	0,025	
5	BMS1788	150	0,031	0,219
	Rt30	223	0,031	
	Rt7	254	0,063	
	OheQ	299	0,031	
	Rt24	248	0,063	

Рис. 2. Визуализация генетических дистанций (DN) между группами, сформированными в кластерах

Fig. 2. Visualization of genetic distances (DN) between groups formed in clusters

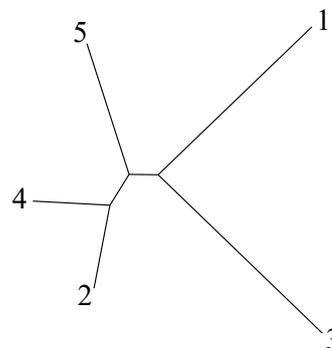


Таблица 5. Результаты оценки генетических дистанций между группами (кластерами)

Table 5. The results of the assessment of genetic distances between groups (clusters)

k	D_N	uD_N	F_{st}	G_{st}	G_{stN}	G_{stH}	G_{st}^*	D_{est}
k-1								
2	0,090	0,051	0,027	0,015	0,030	0,066	0,080	0,052
3	0,119	0,081	0,035	0,023	0,045	0,101	0,121	0,079
4	0,102	0,066	0,028	0,016	0,032	0,070	0,084	0,054
5	0,099	0,051	0,028	0,015	0,030	0,071	0,085	0,057
k-2								
3	0,101	0,055	0,027	0,014	0,028	0,066	0,078	0,052
4	0,043	0,000	0,012	0,000	-0,001	-0,002	-0,003	-0,002
5	0,060	0,003	0,016	0,001	0,002	0,006	0,007	0,005
k-3								
4	0,098	0,054	0,027	0,015	0,029	0,067	0,080	0,053
5	0,101	0,046	0,026	0,011	0,023	0,057	0,068	0,046
k-4								
5	0,064	0,009	0,017	0,003	0,007	0,016	0,020	0,013
Pop								
1	0,039	0,020	0,013	0,006	0,012	0,027	0,033	0,021
2	0,025	0,000	0,007	-0,001	-0,002	-0,005	-0,006	-0,004
3	0,049	0,021	0,013	0,006	0,011	0,026	0,031	0,021
4	0,028	0,002	0,008	0,000	0,001	0,002	0,003	0,002
5	0,034	0,000	0,009	-0,001	-0,001	-0,003	-0,003	-0,002

можно путем целенаправленного отбора и подбора особей в зависимости от их индивидуальных генотипов или принадлежности группы особей к кластеру, установленным по результатам кластерного анализа.

В целом проведенные исследования полиморфизма микросателлитов показали, что генотипированная выборка северных оленей ненецкой породы представляет генетически слабодифференцированный массив.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследования выполнены в рамках государственного задания Минобрнауки России № FWRZ-2024-0002.

FUNDING

The research was carried out within the framework of the state assignment of the Ministry of Education and Science of the Russian Federation No. FWRZ-2024-0002.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Южаков А.А., Романенко Т.М., Лайшев К.А. Новые знания, методы и модели в разведении, экологии и эпизоотологии северных оленей. СПб.: Северо-Западный центр междисциплинарных исследований проблем продовольственного обеспечения. 2018; 72. ISBN 978-5-9905152-9-1 <https://elibrary.ru/uxxmiy>
- Романенко Т.М., Митюков А.С. Экстерьерные особенности северных оленей острова Колгуев и Малоземельской тундры в сравнительном аспекте. *Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета*. 2011; 24: 113–118. <https://elibrary.ru/pgfvrf>
- Романенко Т.М., Вылко Ю.П. Краниологическая характеристика северных оленей (*Rangifer tarandus*) ненецкой породы Тиманской и Большеземельской тундры Ненецкого АО. *Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований*. 2019; (12): 110–114. <https://doi.org/10.17513/mjpf.12964>
- Зуев С.М., Деттер Г.Ф. Селекционно-племенная работа в северном оленеводстве Ямало-Ненецкого автономного округа. *Научный вестник Ямало-Ненецкого автономного округа*. 2021; (2): 27–45. <https://doi.org/10.26110/ARCTIC.2021.111.2.002>
- Глазко В.И. Проблемы «селекции с помощью маркеров» (MAS). *Farm animals*. 2013; (2): 16–22. <https://elibrary.ru/qjczmf>
- van de Goor L.H.P., Panneman H., van Haeringen W.A. A proposal for standardization in forensic bovine DNA typing: allele nomenclature of 16 cattle-specific short tandem repeat loci. *Animal Genetics*. 2009; 40(5): 630–636. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01891.x>
- Radko A., Rychlik T. Use of blood group tests and microsatellite DNA markers for parentage verification in a population of Polish Red-and-White cattle. *Annals of Animal Science*. 2009; 9(2): 119–125.
- Харзинова В.Р. и др. Разработка мультиплексной панели микросателлитов для оценки достоверности происхождения и степени дифференциации популяций северного оленя *Rangifer tarandus*. *Сельскохозяйственная биология*. 2015; 50(6): 756–765. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2015.6.756rus>
- Кол Н.В., Королев А.Л., Захаров И.А. Полиморфизм митохондриальной ДНК в туvinian популяции северного оленя (*Rangifer tarandus* L.). *Генетика*. 2006; 42(1): 110–112. <https://elibrary.ru/htefyf>
- Королев А.Н. и др. Полиморфизм контрольного региона мтДНК северных оленей (*Rangifer tarandus*) материковой части европейского северо-востока. *Зоологический журнал*. 2017; 96(1): 106–118. <https://doi.org/10.7868/S0044513417010147>
- Харзинова В.Р., Денискова Т.Е., Сермягин А.А., Доцев А.В., Соловьева А.Д., Зинovieva Н.А. Эволюция методов оценки биоразнообразия северного оленя (*Rangifer tarandus*) (обзор). *Сельскохозяйственная биология*. 2017; 52(6): 1083–1093. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2017.6.1083rus>
- Матюков В.С. К географии и экологической генетике северного оленя (*Rangifer tarandus*). *Актуальные вопросы развития сельского хозяйства. Материалы круглого стола с международным участием «Актуальные вопросы развития сельского хозяйства», научного совещания «Современное состояние, проблемы и перспективы развития овцеводства на Крайнем Севере России», Межрегиональной научно-практической конференции «Печорская сельскохозяйственная опытная станция: историческое развитие, современное состояние», V Межрегионального интеллектуального форума «Инновационный потенциал — будущее регионов России», посвященный 115-летию Печорской естественно-исторической станции Императорской академии наук, 110-летию Печорской сельскохозяйственной опытной станции, 100-летию Республики Коми. Сыктывкар: Коми республиканская академия государственной службы и управления. 2021; 90–100. <https://doi.org/10.19110/93206-022-17>*
- Николаев С.В., Матюков В.С., Филатов А.В. Изменения микросателлитного профиля в опытной стаде северных оленей ненецкой породы. *Международный вестник ветеринарии*. 2023; (3): 275–283. <https://doi.org/10.52419/issn2072-2419.2023.3.275>

ОБ АВТОРАХ

Семён Викторович Николаев

кандидат ветеринарных наук, заведующий лабораторией северного оленеводства semen.nikolaev.90@mail.ru <https://orcid.org/0000-0001-5485-4616>

Валерий Самуилович Матюков

кандидат биологических наук, научный сотрудник nipti38@mail.ru <https://orcid.org/0000-0002-3504-6864>

Андрей Викторович Филатов

доктор ветеринарных наук, научный сотрудник fav6819@yandex.ru <https://orcid.org/0000-0003-4557-844x>

Федеральный исследовательский центр «Тюменский научный центр Сибирского отделения Российской академии наук», ул. им. Малыгина, 86, Тюмень, 625026, Россия

REFERENCES

- Yuzhakov A.A., Romanenko T.M., Laishev K.A. New knowledge, methods and models in breeding, ecology and epizootology of reindeer. St. Petersburg: North-West Centre of Interdisciplinary Researches of Problems of Food Maintenance. 2018; 72 (in Russian). ISBN 978-5-9905152-9-1 <https://elibrary.ru/uxxmiy>
- Romanenko T.M., Mityukov A.S. Exterior features of the reindeer of Kolguev Island and the Little Earth tundra in a comparative aspect. *Izvestiya Saint-Petersburg State Agrarian University*. 2011; 24: 113–118 (in Russian). <https://elibrary.ru/pgfvrf>
- Romanenko T.M., Vylko Yu.P. Craniological characteristic of reindeer (*Rangifer tarandus*) of Nenets of Timan and Bolshezemelskaya Tundra of Nenets AO. *International Journal of Applied and Fundamental Research*. 2019; (12): 110–114 (in Russian). <https://doi.org/10.17513/mjpf.12964>
- Zuev S.M., Detter G.F. Selection and breeding work in reindeer husbandry of the Yamal-Nenets Autonomous District. *Scientific Bulletin of the Yamal-Nenets Autonomous District*. 2021; (2): 27–45 (in Russian). <https://doi.org/10.26110/ARCTIC.2021.111.2.002>
- Glazko V.I. Problems of marker assistant selection. *Farm animals*. 2013; (2): 16–22 (in Russian). <https://elibrary.ru/qjczmf>
- van de Goor L.H.P., Panneman H., van Haeringen W.A. A proposal for standardization in forensic bovine DNA typing: allele nomenclature of 16 cattle-specific short tandem repeat loci. *Animal Genetics*. 2009; 40(5): 630–636. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01891.x>
- Radko A., Rychlik T. Use of blood group tests and microsatellite DNA markers for parentage verification in a population of Polish Red-and-White cattle. *Annals of Animal Science*. 2009; 9(2): 119–125.
- Kharzinova V.R. et al. Development of multiplex microsatellite panel to assess the parentage verification in and differentiation degree of reindeer populations (*Rangifer tarandus*). *Agricultural Biology*. 2015; 50(6): 756–765. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2015.6.756eng>
- Kol N.V., Korolev A.L., Zakharov I.A. Mitochondrial DNA polymorphism in Tuvinian population of reindeer *Rangifer tarandus* L. *Russian Journal of Genetics*. 2006; 42(1): 94–96. <https://doi.org/10.1134/S1022795406010145>
- Korolev A.N. et al. Polymorphism of the mtDNA Control Region in Reindeer (*Rangifer tarandus*) from the Mainland of the Northeastern Part of European Russia. *Biology Bulletin*. 2017; 44(8): 882–893. <https://doi.org/10.1134/S1062359017080106>
- Kharzinova V.R., Deniskova T.E., Sermyagin A.A., Dotsev A.V., Solovyova A.D., Zinovieva N.A. Evolution of the methods for estimation biodiversity in reindeer (*Rangifer tarandus*) (review). *Agricultural Biology*. 2017; 52(6): 1083–1093. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2017.6.1083eng>
- Matyukov V.S. On the genogeography and ecological genetics of the reindeer (*Rangifer tarandus*). *Current issues of agricultural development. Materials of the round table with international participation "Topical issues of agricultural development", scientific meeting "Current state, problems and prospects of sheep breeding in the Far North of Russia", Interregional scientific and practical conference "Pechora Agricultural Experimental Station: historical development, current state", V Interregional Intellectual Forum "Innovative Potential — the Future of Russian Regions" dedicated to the 115th anniversary of the Pechora Natural History Station of the Imperial Academy of Sciences, The 110th anniversary of the Pechora Agricultural Experimental Station, the 100th anniversary of the Komi Republic. Syktuykar: Komi Republican Academy of State Service and Administration. 2021; 90–100 (in Russian). <https://doi.org/10.19110/93206-022-17>*
- Nikolaev S.V., Matyukov V.S., Filatov A.V. Changes in the microsatellite profile in an experimental herd of Nenets reindeer. *International Journal of Veterinary Medicine*. 2023;(3): 275–283 (in Russian). <https://doi.org/10.52419/issn2072-2419.2023.3.275>

ABOUT THE AUTHORS

Semyon Viktorovich Nikolaev

Candidate of Veterinary Sciences, Head of the Laboratory of Reindeer Husbandry semen.nikolaev.90@mail.ru <https://orcid.org/0000-0001-5485-4616>

Valery Samuilovich Matyukov

Candidate of Biological Sciences, Researcher Associate nipti38@mail.ru <https://orcid.org/0000-0002-3504-6864>

Andrey Viktorovich Filatov

Doctor of Veterinary Sciences, Researcher Associate fav6819@yandex.ru <https://orcid.org/0000-0003-4557-844x>

Federal Research Center "Tyumen Scientific Center of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences", 86 Malygin Str., Tyumen, 625026, Russia