

Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, Подольск, Московская обл., Россия

✉ veronika0784@mail.ru

Поступила в редакцию: 26.05.2025

Одобрена после рецензирования: 11.10.2025

Принята к публикации: 26.10.2025

© Харзинова В.Р., Чурбакова Н.А.

Оценка генетического разнообразия популяций северных оленей (*Rangifer tarandus*): крупномасштабный скрининг полиморфизмов гена миостатина

РЕЗЮМЕ

Северный олень (*Rangifer tarandus* L.) — ключевой вид циркумполярных экосистем, имеющий важное хозяйственное значение для коренных народов Севера. Несмотря на длительную историю взаимодействия с человеком, вопросы генетической дифференциации между домашними и дикими популяциями остаются дискуссионными. В данной работе впервые проведен массовый скрининг полиморфизмов гена миостатина (*MSTN*) с последующей оценкой уровня генетической дифференциации популяций домашних и диких северных оленей. Исследованная выборка ($n = 958$) представлена особями домашних (ненецкая, эвенская, эвенкийская, чукотская породы, тувинская и монгольская популяции) и диких (тундровая и таежная формы) северных оленей из биоресурсной коллекции сБРК СХЖ ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста. Методом ПЦР в реальном времени получены генотипы SNP (g. 1132348) гена *MSTN*. В результате проведенный анализ распределения генотипов и аллелей целевого SNP выявил значимые межпопуляционные различия: домашние олени демонстрировали переменное распределение аллелей: А — 43,5–60,2%, G — 56,5–65,4%, тогда как у диких популяций доминировал аллель А — 67,8–71,1%. Гомозиготный вариант генотипа AA преобладал в дикой (46,1%) популяции по сравнению с домашней (17,95%), что может отражать адаптацию к естественным условиям. Полученные впервые данные вносят вклад в понимание эволюционной динамики вида и представляют ценность для разработки стратегий сохранения генетического разнообразия, внедрения маркер-ассоциированной селекции и формирования научно обоснованных программ управления генетическими ресурсами северного оленя.

Ключевые слова: северный олень, *Rangifer tarandus*, SNP, *MSTN*, ген миостатина, полиморфизм, массовый скрининг, генетическое разнообразие, дифференциация

Для цитирования: Харзинова В.Р., Чурбакова Н.А. Оценка генетического разнообразия популяций северных оленей (*Rangifer tarandus*): крупномасштабный скрининг полиморфизмов гена миостатина. 2025; 400(11): 54–59. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-400-11-54-59>

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Podolsk, Moscow region, Russia

✉ golaso@rambler.ru

Received by the editorial office: 26.05.2025

Accepted in revised: 11.10.2025

Accepted for publication: 26.10.2025

© Kharzinova V.R., Churbakova N.A.

Assessing genetic diversity in reindeer (*Rangifer tarandus*) populations: a large-scale screening of myostatin gene polymorphisms

ABSTRACT

Reindeer (*Rangifer tarandus* L.) is a keystone species of circumpolar ecosystems with significant economic importance for indigenous northern peoples. Despite its long history of interaction with humans, questions regarding genetic differentiation between domestic and wild populations remain debated. This study presents the first mass screening of polymorphisms of the myostatin gene (*MSTN*) with subsequent assessment of the level of genetic differentiation between populations of domestic and wild reindeer. The study sample ($n = 958$) included individuals of domestic breeds (Nenets, Even, Evenki, Chukchi) and populations (Tuva, Mongolian), as well as the wild forms (tundra and taiga) from the bioresource collection of the L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry. Real-time PCR was used to genotype the target SNP (g. 1132348) in the *MSTN* gene. An analysis of genotype and allele distribution revealed significant interpopulation differences: domestic reindeer showed variable allele frequencies: A — 43,5–60,2%, G — 56,5–65,4%), while wild populations predominantly carried the A allele — 67,8–71,1%. The homozygous AA genotype was more frequent in wild (46,1%) than domestic (17,95%) populations, potentially reflecting adaptation to natural environments. These first-reported findings contribute to understanding the evolutionary dynamics of the species and are valuable for the developing genetic diversity conservation strategies, implementing marker-assisted selection and formulating science-based genetic resource management programs for reindeer.

Key words: reindeer, *Rangifer tarandus*, SNP, myostatin, real-time PCR, large-scale screening, genetic diversity, genetic differentiation

For citation: Kharzinova V.R., Churbakova N.A. Assessing genetic diversity in reindeer (*Rangifer tarandus*) populations: a large-scale screening of myostatin gene polymorphisms. *Agrarian science*. 2025; 400(11): 54–59 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-400-11-54-59>

Введение/Introduction

Северный олень (*Rangifer tarandus* Linnaeus, 1758) — вид копытных с самым большим циркумполярным распространением в северном полушарии, простирающийся на большую часть тундровых и таежных территорий Евразии (Фенноскандия, Сибирь, Монголия) и Северной Америки (Канада, Аляска, Гренландия), и чье прошлое географическое распространение было еще более важным. Охота на оленей и оленеводство являются важнейшими источниками пропитания для человеческих сообществ на протяжении многих веков — начиная с эпохи палеолита и до наших дней [1, 2].

Несмотря на свою значимость, время и детали раннего одомашнивания оленей по-прежнему являются предметом дискуссий ряда ученых [3]. Так, в Сибири были предложены даты около 1500 г. до н. э., в то время как другие исследователи утверждают, что это было намного позже [4, 5].

Наряду с этим в научном сообществе сохраняется дискуссия относительно генетической дифференциации между домашними и дикими формами северного оленя. Этот вопрос имеет принципиальное значение как для понимания процессов доместикизации, так и для разработки стратегий сохранения генетических ресурсов вида. Для решения данного вопроса был проведен комплекс генетических исследований, основанный на анализе ДНК-маркеров, как митохондриального [6], так и ядерного [7, 8] геномов.

Большинство исследований генетической дифференциации популяций северного оленя основано на анализе полиморфизма микросателлитных маркеров [8–12]. В дополнение к этому методу различия между одомашненными и дикими популяциями по всему российскому Крайнему Северу были изучены с применением коммерческого SNP-чипа [7]. Полученные данные позволили оценить степень генетической дифференциации между домашними и дикими формами северного оленя. Эти исследования важны для понимания закономерностей генетического разнообразия, процессов интрогрессии и дифференциации между популяциями. Результаты имеют ключевое значение для разработки стратегий сохранения данного вида.

Вместе с тем особый научный интерес представляет исследование генетических механизмов, обеспечивающих уникальные адаптации северного оленя, в частности особенности липидного и мышечного метаболизма, в контексте их роли в дифференциации популяций. Данные адаптации могут служить молекулярными маркерами не только для идентификации эволюционных трендов доместикизации, но и реконструкции филогенетических взаимоотношений между популяциями и выявления селективных сигнатур, ассоциированных с хозяйственно ценными признаками. Северные олени обладают рядом адаптивных особенностей, включая специфический жировой обмен, способность накапливать мышечную массу, сниженный уровень

метаболизма в покое, а также ежегодный цикл роста и сбрасывания рогов, который наблюдается у особой обеих полов [13].

В связи с этим актуальное направление исследований — анализ полиморфизма гена миостатина (*MSTN*), играющего ключевую роль в регуляции мышечного роста, который является актуальным как в контексте изучения генетической изменчивости популяций северного оленя, так и для разработки и внедрения в практику оленеводства элементов маркерной селекции. Ген *MSTN*, относящийся к суперсемейству TGF- β , характеризуется консервативной структурой (3 экзона, 2 интрона) и был детально изучен у различных видов млекопитающих: грызунов [14], людей [15] и нескольких видов домашнего скота [16–20].

Естественные мутации, снижающие количество миостатина и (или) подавляющие его функцию, были выявлены у человека и нескольких пород крупного рогатого скота, овец и собак. Кроме того, в некоторых породах овец и свиней в некодирующих регуляторных областях были выявлены мутации, влияющие на уровень экспрессии гена *MSTN*, которые связаны с ростом, мышечной массой и другими характеристиками туши [20].

Несмотря на обширные данные о полиморфизме гена миостатина у различных видов сельскохозяйственных животных, у северного оленя исследования ни частотного распределения аллелей данного гена, ни его потенциального влияния на генетическую дифференциацию между доместицированными и дикими популяциями до сих пор не проводились.

Цель работы — изучение популяционно-генетической структуры *Rangifer tarandus* посредством масштабного скрининга полиморфизма локуса *MSTN* с последующей оценкой уровня генетической дифференциации популяций домашних и диких северных оленей.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Материалом для исследований служили образцы биологического материала (срез с фронтальной части ушной раковины) домашних и диких северных оленей ($n = 958$), депонированных в УНУ «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы» в составе сетевой биоресурсной коллекции СБРК СХЖ (соглашение с Минобрнауки России от 28 сентября 2021 года № 075-15-2021-1037), созданной и поддерживаемой в ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста (Россия). Выборка домашних северных оленей включала животных четырех пород — ненецкой ($n = 479$), эвенской ($n = 64$), эвенкийской ($n = 44$) и чукотской ($n = 147$), а также тувинской ($n = 31$) и монгольской ($n = 39$) популяций.

Выборка диких северных оленей представлена образцами тундровой ($n = 135$) и таежной ($n = 19$) форм. Исследованная выборка была сформирована с учетом необходимости репрезентативного

охвата всего генетического разнообразия северного оленя в России. Геномную ДНК выделяли с помощью коммерческого набора «ДНК-Экстрат-2» (ООО «Синтол», Россия) в соответствии с инструкциями производителя. Концентрацию двухцепочечной ДНК измеряли на флуориметре Qubit 3.0 (Thermo Fisher Scientific (ранее Life Technologies Waltham, MA, USA), Wilmington, DE, USA).

Чистоту ДНК определяли путем оценки коэффициента поглощения A260/A280 на спектрофотометре NanoDrop2000 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, DE, USA). Концентрация ДНК в среднем составила 98,7 нг/мкл.

Полиморфизм SNP (g. 1132348) 3'-области гена миостатина диагностировали с помощью авторской тест-системы на основе ПЦР с детекцией результатов в режиме реального времени (ПЦР-РВ). Данный SNP был идентифицирован посредством анализа данных полногеномного секвенирования по технологии NGS, полиморфизм которого был подтвержден в результате проведения секвенирования по Сэнгеру.

Для амплификации фрагмента гена *MSTN* использовали следующие праймеры и зонды: F 5'-AAGAAGTTTATGATTTCCAGAGTTTTTG-3'; R 5'-CGGCATATGTTGCAATATATTTGAAC-3'; 5'-FAM-AACTAGGAGATCAAATTCATTTAT-BHQ-1-3'; 5'-R6G-AACTGGGAGATCAAATTCATTTAT-BHQ-1-3'. ПЦР проводили в объеме 20 мкл, содержащем буфер 10X Taq Turbo буфер (2 мкл) (ЗАО «Евроген», Россия), H₂O (11.85 мкл), dNTPs (2 мкл, 2.5 mM каждого), смесь праймеров (2 мкл, 10 мкМ), флуоресцентные зонды (1 мкл: 0.5 мкл FAM- и 0.5 мкл R6G-меченых), ДНК-полимеразу SmartTaq (0.15 мкл, 5 ед/мкл) (ЗАО «Диалат», Россия), матричную ДНК (1 мкл, 100 нг/мкл).

Реакцию амплификации проводили на амплификаторе QuantStudio®5 (ThermoFisher Scientific, США) со следующим профилем: предварительная денатурация: 50 °C — 60 сек., 95 °C — 8 мин.; ПЦР-циклы (45): денатурация: 95 °C — 20 сек., отжиг: 66°C (10 циклов) / 58 °C (35 циклов) — 35 сек., элонгация: 72 °C — 4 сек.

Генотипирование осуществляли по флуоресцентным сигналам с построением многопараметрических графиков в программном обеспечении амплификатора QuantStudio®5. Частоту встречаемости генотипов и аллелей определяли по формуле Е.К. Меркурьевой (1977 г.)¹: $p = n/N$, где p — частота определения генотипа, n — количество особей, имеющих определенный генотип, N — число особей. Частоту отдельных аллелей определяли по формуле:

$$p_A = (2n_{AA} + n_{AG}) / 2N, \quad q_B = (2n_{BB} + n_{AG}) / 2N,$$

где p_A — частота аллеля А, q_B — частота аллеля В, N — общее число аллелей.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

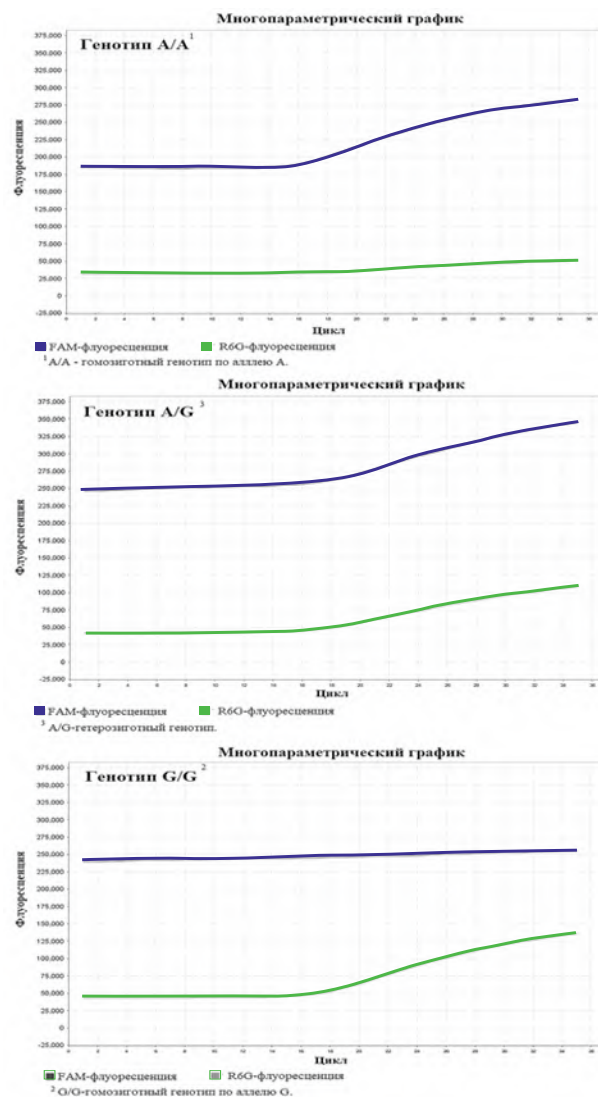
Анализ проведенного масштабного популяционного скрининга 958 особей домашних и диких северных оленей с использованием разработанной qPCR-системы выявил полиморфизм по SNP g. 1132348 гена *MSTN*, что подтверждается четкой дифференциацией аллелей: аллель А — интенсивный сигнал FAM-флуоресценции и аллель G — выраженный сигнал R6G-флуоресценции соответственно (рис. 1).

Рис. 1. Многопараметрические графики вариантов генотипов SNP (g. 1132348) гена миостатина пород и популяций северного оленя: 1 — А/А-гомозиготный генотип по аллелю А; 2 — G/G-гомозиготный генотип по аллелю G; 3 — А/G-гетерозиготный генотип

Fig. 1. Multivariate plots of SNP (g. 1132348) genotype variants of the myostatin gene in reindeer breeds and populations: 1 — A/A-homozygous genotype for the A allele; 2 — G/G-homozygous genotype for the G allele; 3 — A/G-heterozygous genotype

Примечание: аллелю А соответствует увеличение флуоресценции по каналу красителя FAM, аллелю G соответствует увеличение флуоресценции по каналу красителя R6G.

Note: the A allele corresponds to an increase in fluorescence in the FAM dye channel, the G allele corresponds to an increase in fluorescence in the R6G dye channel.



¹ Меркурьева Е.К. Биометрия в животноводстве. М.: Колос. 1977; 311.

На основании проведенного генотипирования всех официально зарегистрированных четырех пород, тувинской и монгольской популяций домашнего северного оленя, а также тундровой и таежной группировок дикого северного оленя были рассчитаны частоты встречаемости генотипов и аллелей SNP г. 1132348 гена *MSTN* (табл. 1).

Сравнительный анализ распределения генотипов и аллелей SNP гена миостатина между домашними и дикими популяциями северного оленя показал, что наибольшие различия отмечены между дикими оленями тундровой (A = 67,8%) и домашними оленями монгольской (G = 65,4%) популяций. Как следствие, выборка дикой популяции в 2,6 раза превосходит домашних сородичей по частоте встречаемости гомозиготного генотипа AA: 46,1% против 17,95% соответственно.

Вместе с тем обратная закономерность между популяциями отмечена в отношении распределения гомозиготного генотипа GG: 25,62% — у домашних северных оленей, 9,74% — у диких. Сохранение высоких частот аллеля A у диких популяций может отражать как его адаптивную ценность в естественных условиях, так и стабилизирующий отбор. В свою очередь, разнообразие аллельных профилей у домашних оленей может свидетельствовать о региональных особенностях селекции и различных стратегиях доместикиции.

Кроме этого, анализ данных таблицы 1, выявил значимые межпопуляционные различия в распределении аллелей среди пород и популяций домашних северных оленей. Так, ненецкая и эвенкийская породы характеризовались преобладанием аллеля A (59,8% и 60,2% соответственно) с высокой частотой гетерозиготного генотипа AG (48,02% и 47,73%). В свою очередь, преобладание аллеля G отмечено у северных оленей эвенской, чукотской пород, а также монгольской популяции: 60,9%, 65,3% и 65,4% соответственно. При этом у эвенских и чукотских оленей наблюдается высокая доля гомозигот GG — 40,63% и 44,90% соответственно. Выборка тувинской популяции имела практически равное соотношение аллелей A (43,5%) и G (56,5%) с преобладанием гетерозиготного генотипа AG — 54,84%.

Что касается диких популяций северного оленя, то было выявлено, что во всей исследованной выборке дикого северного оленя наблюдается выраженное доминирование аллеля A: 67,8% — в тундровой и 71,1% — в таежной. В тундровой популяции детектировано преобладание гомозиготного генотипа AA (46,67%), в таежной — гетерозиготного генотипа AG (57,89%). При этом у таежных оленей гомозиготный генотип GG практически отсутствовал.

Выводы/Conclusions

Впервые представлен глубокий анализ полиморфизма гена миостатина у северного оленя, направленный на выявление аллельных вариантов SNP г. 1132348 гена миостатина, на основании

Таблица 1. Частота встречаемости генотипов и аллелей SNP гена *MSTN* на основе масштабного популяционно-скрининга домашних и диких северных оленей

Table 1. Genotype and allele frequency distribution of *MSTN* gene SNP based on large-scale population screening of domestic and wild reindeer

Порода (популяция)	Количество голов	Генотипы, %			Преобладающий аллель, %
		AA	AG	GG	
<i>Домашние северные олени</i>					
Ненецкая	479	35,49	48,02	16,49	A (59,8)
Эвенская	64	18,75	40,63	40,63	G (60,9)
Эвенкийская	44	36,36	47,73	15,91	A (60,2)
Чукотская	147	14,29	40,82	44,90	G (65,3)
Тувинская	31	16,13	54,84	29,03	A (43,5)
Монгольская	39	17,95	33,33	48,72	G (65,4)
Всего	804	17,95	33,33	48,72	A (51,6)
<i>Дикие северные олени</i>					
Тундровая	135	46,67	42,22	11,11	A (67,8)
Таежная	19	42,11	57,89	0,00	A (71,1)
Всего	154	46,10	44,16	9,74	A (68,2)

которых дана оценка генетической дифференциации домашней и дикой форм северного оленя, представленных индивидуумами ненецкой, эвенской, эвенкийской и чукотской пород, а также тувинской и монгольской популяций домашних северных оленей и тундровой и таежной популяций дикого северного оленя.

Результаты исследования продемонстрировали эффективность применяемой тест-системы генотипирования SNP г. 1132348 гена *MSTN* для масштабных популяционных исследований, что открывает новые возможности для изучения генетического разнообразия северного оленя.

Выявленные закономерности распределения аллелей SNP г. 1132348 гена *MSTN* согласуются с ранее полученными данными с использованием других генетических маркеров, дополняя существование выраженной генетической дифференциации домашних и диких популяций северного оленя, что отражает различия эволюционной траектории их развития — исторически сложившиеся пути генетической адаптации, сформированные под влиянием естественного отбора у диких популяций и искусственного отбора у домашних форм. Для проверки данного предположения и установления функционального значения выявленного полиморфизма, его связи с хозяйственно ценными признаками необходимы дальнейшие исследования, включающие ассоциативный анализ и изучение экспрессии гена, а также поиска других потенциальных генов-кандидатов процессов адаптации и доместикиции вида.

Полученные результаты вносят дополнительный вклад в исследования генетического разнообразия популяций северных оленей (*Rangifer tarandus*) и имеют прикладное значение как для селекционно-племенной работы, так и для разработки научно обоснованных программ сохранения генетических ресурсов вида.

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.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ (тема № FGGN-2024-0018).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Pelletier M., Kotiaho A., Niinimäki S., Salmi A.-K. Identifying early stages of reindeer domestication in the archaeological record: a 3D morphological investigation on forelimb bones of modern populations from Fennoscandia. *Archaeological and Anthropological Sciences*. 2020; 12(8): 169. <https://doi.org/10.1007/s12520-020-01123-0>
- Николаев С.В., Матюков В.С., Филатов А.В. Внутрипопуляционная генетическая дифференциация стада северных оленей Ямальской опытной станции. *Аграрная наука*. 2024; (11): 82–86. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-388-11-82-86>
- Pelletier M., Discamps E., Bignon-Lau O., Salmi A.-K. Investigating the domestication and early management of reindeer (*Rangifer tarandus*) in the Sámi archaeological context from teeth geometric morphometrics. *Scientific Reports*. 2023; 13: 6174. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-33422-6>
- Murashkin A.I., Kolpakov E.M., Shumkin V.Ya., Khartanovich V.I., Moiseyev V.G. Kola Oleneostrovskiy Grave Field: A Unique Burial Site in the European Arctic. *Iskos*. 2016; 21: 185–199. <https://www.elibrary.ru/vulhyv>
- Losey R.J. et al. Domestication as Enskilment: Harnessing Reindeer in Arctic Siberia. *Journal of Archaeological Method and Theory*. 2021; 28(1): 197–231. <https://doi.org/10.1007/s10816-020-09455-w>
- Кошкина О.А., Соловьёва А.Д., Денискова Т.Е., Харзинова В.Р., Зиновьева Н.А. Изучение генетического разнообразия домашних и диких популяций северного оленя (*Rangifer tarandus* L., 1758) с использованием маркеров ядерного и митохондриального геномов. *Сельскохозяйственная биология*. 2022; 57(6): 1101–1116. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2022.6.1101rus>
- Kharzinova V.R. et al. Genetic diversity and population structure of domestic and wild reindeer (*Rangifer tarandus* L., 1758): A novel approach using BovineHD BeadChip. *PLOS One*. 2018; 13(11): e0207944. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0207944>
- Svishcheva G.R., Babayan O.V., Sipko T.P., Kashtanov S.N., Kholodova M.V., Stolpovsky Y.A. Genetic differentiation between coexisting wild and domestic Reindeer (*Rangifer tarandus* L., 1758) in Northern Eurasia. *Genetic Resources*. 2022; 3(6): 1–14. <https://doi.org/10.46265/genresj.UYML5006>
- Zhai J.-C., Liu W.-S., Yin Y.-J., Xia Y.-L., Li H.-P. Analysis on Genetic Diversity of Reindeer (*Rangifer tarandus*) in the Greater Khingan Mountains Using Microsatellite Markers. *Zoological Studies*. 2017; 56: 11. <https://doi.org/10.6620/ZS.2017.56-11>
- Jepsen B.I., Siegismund H.R., Fredholm M. Population genetics of the native caribou (*Rangifer tarandus groenlandicus*) and the semi-domestic reindeer (*Rangifer tarandus tarandus*) in Southwestern Greenland: evidence of introgression. *Conservation Genetics*. 2002; 3(4): 401–409. <https://doi.org/10.1023/A:1020523303815>
- Столповский Ю.А. и др. Генетическая оценка пород северного оленя (*Rangifer tarandus*) и их дикого предка с помощью новой панели STR-маркеров. *Генетика*. 2020; 56(12): 1410–1426. <https://doi.org/10.31857/S0016675820120139>
- Харзинова В.Р. и др. Изучение аллелофонда и степени генетической интрогрессии домашней и дикой популяций северного оленя (*Rangifer tarandus* L., 1758) с использованием микросателлитов. *Сельскохозяйственная биология*. 2016; 51(6): 811–823. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2016.6.811rus>
- Miller J.H., Druckenmiller P., Bahn V. Antlers on the Arctic Refuge: capturing multi-generational patterns of calving ground use from bones on the landscape. *Proceedings. Biological Sciences*. 2013; 280(1759): 20130275. <https://doi.org/10.1098/rspb.2013.0275>
- McPherron A.C., Lawler A.M., Lee S.-J. Regulation of skeletal muscle mass in mice by a new TGF-beta superfamily member. *Nature*. 1997; 387(6628): 83–90. <https://doi.org/10.1038/387083a0>
- Gonzalez-Cadavid N.F. et al. Organization of the human myostatin gene and expression in healthy men and HIV-infected men with muscle wasting. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1998; 95(25): 14938–14943. <https://doi.org/10.1073/pnas.95.25.14938>

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.

FUNDING

The study was carried out with the financial support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (topic No. FGGN-2024-0018).

REFERENCES

- Pelletier M., Kotiaho A., Niinimäki S., Salmi A.-K. Identifying early stages of reindeer domestication in the archaeological record: a 3D morphological investigation on forelimb bones of modern populations from Fennoscandia. *Archaeological and Anthropological Sciences*. 2020; 12(8): 169. <https://doi.org/10.1007/s12520-020-01123-0>
- Nikolaev S.V., Matyukov V.S., Filatov A.V. Intrapopulation genetic differentiation of reindeer herd of Yamal experimental station. *Agrarian science*. 2024; (11): 82–86 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-388-11-82-86>
- Pelletier M., Discamps E., Bignon-Lau O., Salmi A.-K. Investigating the domestication and early management of reindeer (*Rangifer tarandus*) in the Sámi archaeological context from teeth geometric morphometrics. *Scientific Reports*. 2023; 13: 6174. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-33422-6>
- Murashkin A.I., Kolpakov E.M., Shumkin V.Ya., Khartanovich V.I., Moiseyev V.G. Kola Oleneostrovskiy Grave Field: A Unique Burial Site in the European Arctic. *Iskos*. 2016; 21: 185–199. <https://www.elibrary.ru/vulhyv>
- Losey R.J. et al. Domestication as Enskilment: Harnessing Reindeer in Arctic Siberia. *Journal of Archaeological Method and Theory*. 2021; 28(1): 197–231. <https://doi.org/10.1007/s10816-020-09455-w>
- Koshkina O.A., Solovyova A.D., Deniskova T.E., Kharzinova V.R., Zinovieva N.A. Study of the genetic diversity of domestic and wild reindeer (*Rangifer tarandus* L., 1758) populations using nuclear and mitochondrial genomic markers. *Agricultural Biology*. 2022; 57(6): 1101–1116. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2022.6.1101eng>
- Kharzinova V.R. et al. Genetic diversity and population structure of domestic and wild reindeer (*Rangifer tarandus* L., 1758): A novel approach using BovineHD BeadChip. *PLOS One*. 2018; 13(11): e0207944. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0207944>
- Svishcheva G.R., Babayan O.V., Sipko T.P., Kashtanov S.N., Kholodova M.V., Stolpovsky Y.A. Genetic differentiation between coexisting wild and domestic Reindeer (*Rangifer tarandus* L., 1758) in Northern Eurasia. *Genetic Resources*. 2022; 3(6): 1–14. <https://doi.org/10.46265/genresj.UYML5006>
- Zhai J.-C., Liu W.-S., Yin Y.-J., Xia Y.-L., Li H.-P. Analysis on Genetic Diversity of Reindeer (*Rangifer tarandus*) in the Greater Khingan Mountains Using Microsatellite Markers. *Zoological Studies*. 2017; 56: 11. <https://doi.org/10.6620/ZS.2017.56-11>
- Jepsen B.I., Siegismund H.R., Fredholm M. Population genetics of the native caribou (*Rangifer tarandus groenlandicus*) and the semi-domestic reindeer (*Rangifer tarandus tarandus*) in Southwestern Greenland: evidence of introgression. *Conservation Genetics*. 2002; 3(4): 401–409. <https://doi.org/10.1023/A:1020523303815>
- Stolpovsky Yu.A. et al. Genetic Evaluation of the Breeds of Reindeer (*Rangifer tarandus*) and Their Wild Ancestor Using a New Panel of STR Markers. *Russian Journal of Genetics*. 2020; 56(12): 1469–1483. <https://doi.org/10.1134/S1022795420120133>
- Kharzinova V.R. et al. Study of the allele pool and the degree of genetic introgression of semi-domesticated and wild populations of reindeer (*Rangifer tarandus* L., 1758) using microsatellites. *Agricultural Biology*. 2016; 51(6): 811–823. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2016.6.811eng>
- Miller J.H., Druckenmiller P., Bahn V. Antlers on the Arctic Refuge: capturing multi-generational patterns of calving ground use from bones on the landscape. *Proceedings. Biological Sciences*. 2013; 280(1759): 20130275. <https://doi.org/10.1098/rspb.2013.0275>
- McPherron A.C., Lawler A.M., Lee S.-J. Regulation of skeletal muscle mass in mice by a new TGF-beta superfamily member. *Nature*. 1997; 387(6628): 83–90. <https://doi.org/10.1038/387083a0>
- Gonzalez-Cadavid N.F. et al. Organization of the human myostatin gene and expression in healthy men and HIV-infected men with muscle wasting. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1998; 95(25): 14938–14943. <https://doi.org/10.1073/pnas.95.25.14938>

16. Joulia-Ekaza D., Cabello G. Myostatin regulation of muscle development: Molecular basis, natural mutations, physiopathological aspects. *Experimental Cell Research*. 2006; 312(13): 2401–2414. <https://doi.org/10.1016/j.yexcr.2006.04.012>

17. Jeanplong F., Sharma M., Somers W.G., Bass J.J., Kambadur R. Genomic organization and neonatal expression of the bovine myostatin gene. *Molecular and Cellular Biochemistry*. 2001; 220(1–2): 31–37. <https://doi.org/10.1023/a:1010801511963>

18. Du R. *et al.* Cloning and sequence analysis of myostatin promoter in sheep. *DNA Sequence*. 2005; 16(6): 412–417. <https://doi.org/10.1080/10425170500226474>

19. Stinckens A. *et al.* Characterization of the complete porcine *MSTN* gene and expression levels in pig breeds differing in muscularity. *Animal Genetics*. 2008; 39(6): 586–596. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2008.01774.x>

20. Dall'Olio S., Fontanesi L., Nanni Costa L., Tassinari M., Minieri L., Falaschini A. Analysis of horse myostatin gene and identification of single nucleotide polymorphisms in breeds of different morphological types. *Journal of Biomedicine and Biotechnology*. 2010; 2010: 542945. <https://doi.org/10.1155/2010/542945>

ОБ АВТОРАХ

Вероника Руслановна Харзинова

кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, заведующая лабораторией ДНК-технологий в животноводстве

veronika0784@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0002-8067-0404>

Надежда Александровна Чурбакова

аспирант, младший научный сотрудник

nadushik95@mail.ru

<https://orcid.org/0009-0006-1061-2715>

Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, 60, г. о. Подольск, Московская обл., 142132, Россия

16. Joulia-Ekaza D., Cabello G. Myostatin regulation of muscle development: Molecular basis, natural mutations, physiopathological aspects. *Experimental Cell Research*. 2006; 312(13): 2401–2414. <https://doi.org/10.1016/j.yexcr.2006.04.012>

17. Jeanplong F., Sharma M., Somers W.G., Bass J.J., Kambadur R. Genomic organization and neonatal expression of the bovine myostatin gene. *Molecular and Cellular Biochemistry*. 2001; 220(1–2): 31–37. <https://doi.org/10.1023/a:1010801511963>

18. Du R. *et al.* Cloning and sequence analysis of myostatin promoter in sheep. *DNA Sequence*. 2005; 16(6): 412–417. <https://doi.org/10.1080/10425170500226474>

19. Stinckens A. *et al.* Characterization of the complete porcine *MSTN* gene and expression levels in pig breeds differing in muscularity. *Animal Genetics*. 2008; 39(6): 586–596. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2008.01774.x>

20. Dall'Olio S., Fontanesi L., Nanni Costa L., Tassinari M., Minieri L., Falaschini A. Analysis of horse myostatin gene and identification of single nucleotide polymorphisms in breeds of different morphological types. *Journal of Biomedicine and Biotechnology*. 2010; 2010: 542945. <https://doi.org/10.1155/2010/542945>

ABOUT THE AUTHORS

Veronika Ruslanovna Kharzinova

Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher, Head of the Laboratory of DNA technologies in animal husbandry

veronika0784@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0002-8067-0404>

Nadezhda Aleksandrovna Churbakova

Graduate Student, Junior Researcher

nadushik95@mail.ru

<https://orcid.org/0009-0006-1061-2715>

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, 60 Dubrovitsy, Podolsk Municipal District, Moscow Region, 142132, Russia

АГРАРНАЯ НАУКА

AGRARIAN SCIENCE

Ежемесячный научно-теоретический и производственный журнал выходит один раз в месяц.



Научно-теоретический и производственный журнал «Аграрная наука» включен в Перечень ведущих рецензируемых научных изданий, в которых должны быть опубликованы основные научные результаты диссертаций на соискание ученых степеней доктора и кандидата наук (К1, К2), в список Russian Science Citation Index (RSCI), в систему Российского индекса научного цитирования (РИНЦ), в ядро РИНЦ, «Белый список» ВАК РФ, в список периодических изданий Международной базы данных AGRIS (ГНУ ЦНСХБ Россельхозакадемии).

Ознакомьтесь с информацией о перечне специальностей ВАК и итоговом распределении журналов по категориям можно здесь:



Приравнивание научных журналов, входящих в наукометрические базы данных, к журналам Перечня ВАК с распределением по категориям:



Согласно приведенным данным, журнал «Аграрная наука» относится к категории К1.

Подобную информацию о журнале можно получить у научного редактора М.Н. Долгой +7 (495) 777 67 67 (доб. 1453) dolgaya@vicgroup.ru