

Федеральный исследовательский центр «Тюменский научный центр Сибирского отделения Российской академии наук», Тюмень, Россия

✉ semen.nikolaev.90@mail.ru

Поступила в редакцию: 15.09.2025

Одобрена после рецензирования: 11.11.2025

Принята к публикации: 26.11.2025

© Николаев С.В., Филатов А.В.

Сравнительная генетическая оценка двух популяций северного оленя ненецкой породы уральского экотипа

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Исследования в области популяционной генетики являются одним из основных инструментов для формирования стратегии селекционно-племенной работы и повышения экономической эффективности северного оленеводства.

Методы. Объектом исследования являлись северные олени Республики Коми (PSK, n = 100) и Ямало-Ненецкого автономного округа (ЯНАО) (YOS, n = 100). Для генетического анализа использовали выщипы из ушной раковины и пантов. Генотип животных определяли по 16 микросателлитным маркерам с помощью тест-системы COrDIS Reindeer методом мультиплексной ПЦР. Статистический анализ выполнен в программе GenAIEx 6.503.

Результаты. Индекс Шеннона указывал на высокое аллельное разнообразие в локусах Rt1 (PSK) и OheQ (PSK, YOS), минимальное — в BMS745 и C276. Популяция PSK отличалась высокой наблюдаемой гетерозиготностью в Rt9 (0,940) и низкой — в C143 (0,430), а среди животных ЯНАО максимальные значения были в Rt1 и OheQ (0,880), минимальные — в C143 и C276 (0,350). Оценка индекса фиксации у оленей PSK выявила избыток гетерозиготности в Rt9 и Rt6, дефицит — в BMS1788, а у животных YOS избыток был в T40, дефицит — в C276. Популяция PSK имела более высокий запас гетерозиготности (0,040, p ≤ 0,05) по отношению к YOS. Комплексный анализ выявил 7 уникальных последовательностей у оленей PSK и 4 — у YOS. Частоты приватных аллелей составили 6% и 4% соответственно. Индекс фиксации Райта показал умеренную дивергенцию между популяциями в локусах BMS1788, Rt1, C143, C276 и C32, значительную дивергенцию — в BMS745. Оценки по Gst и Dest подтвердили полученные результаты. В целом популяция YOS оказалась менее генетически разнообразна по сравнению с PSK. Для снижения уровня инбридинга в стаде YOS необходимо организовать завоз производителей из других популяций.

Ключевые слова: северные олени, уральский экотип, генетическое разнообразие, аллельная дифференциация, инбридинг, генетическая схожесть

Для цитирования: Николаев С.В., Филатов А.В. Сравнительная генетическая оценка двух популяций северного оленя ненецкой породы уральского экотипа. *Аграрная наука*. 2025; 401(12): 116–122.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-401-12-116-122>

Federal Research Center “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: 15.09.2025

Accepted in revised: 11.11.2025

Accepted for publication: 26.11.2025

© Nikolaev S.V., Filatov A.V.

Comparative genetic assessment of two populations of reindeer of the Nenets breed of the Ural ecotype

ABSTRACT

Relevance. Research in the field of population genetics is one of the main tools for forming a breeding strategy and increasing the economic efficiency of reindeer husbandry.

Methods. The object of the study was the reindeer of the Komi Republic (PSK, n = 100) and the Yamalo-Nenets Autonomous Okrug (Yamalo-Nenets Autonomous Okrug) (YOS, n = 100). Plucks from the auricle and antlers were used for genetic analysis. The genotype of the animals was determined by 16 microsatellite markers using the COrDIS Reindeer multiplex PCR test system. The statistical analysis was performed in the GenAIEx 6.503 program.

Results. The Shannon index indicated high allelic diversity in Rt1 (PSK) and OheQ (PSK, YOS) loci, with minimal diversity in BMS745 and C276. The PSK population was characterized by high observed heterozygosity in Rt9 (0.940) and low in C143 (0.430), while among Yamalo-Nenets Autonomous District animals, the maximum values were in Rt1 and OheQ (0.880), and the minimum values were in C143 and C276 (0.350). Assessment of the fixation index in PSK deer revealed an excess of heterozygosity in Rt9 and Rt6, a deficiency in BMS1788, and in YOS animals there was an excess in T40 and a deficiency in C276. The PSK population had a higher margin of heterozygosity (0.040, p < 0.05) relative to YOS. A comprehensive analysis revealed 7 unique sequences in PSK deer and 4 in YOS. The frequencies of private alleles were 6% and 4%, respectively. The Wright fixation index showed moderate divergence between populations at loci BMS1788, Rt1, C143, C276, and C32, and significant divergence at BMS745. The Gst and Dest scores confirmed these results. Overall, the YOS population turned out to be less genetically diverse compared to the PSK. To reduce the level of inbreeding in the YOS herd, it is necessary to organize the import of producers from other populations.

Key words: ural ecotype, reindeer, genetic diversity, allelic differentiation, inbreeding, genetic similarity

For citation: Nikolaev S.V., Filatov A.V. Comparative genetic assessment of two populations of reindeer of the Nenets breed of the Ural ecotype. *Agrarian science*. 2025; 401(12): 116–122 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-401-12-116-122>

Введение/Introduction

Северное оленеводство представляет собой неотъемлемую составляющую традиционного уклада коренных народов Севера, являясь ключевым фактором жизнеобеспечения в Арктической зоне. Процесс одомашнивания северного оленя и его последующее использование в хозяйственной деятельности человека способствовали освоению северных территорий и формированию уникальной эколого-экономической системы [1, 2].

Характерные особенности данного биологического вида — его исключительная адаптивность к круглогодичному выпасу в экстремальных климатических условиях и эффективное использование природных кормовых ресурсов [3, 4]. Это обстоятельство обуславливает доминирующую роль естественного отбора в эволюционном процессе формирования и поддержания популяций северного оленя. В отличие от других направлений животноводства, искусственный отбор в северном оленеводстве оказывает значительно меньшее влияние на генетическую структуру популяции [5–7].

В контексте анализа экономической эффективности ключевым фактором, определяющим рентабельность данной отрасли, является результативность селекционно-племенной работы. В современных условиях, характеризующихся стремительным развитием биотехнологий и генетики, молекулярно-генетический анализ играет основную функцию в процессе отбора и подбора особей, обладающих желательными хозяйственными признаками [8–10]. Однако, учитывая специфику северного оленеводства, внедрение подобных технологий находится на начальном этапе развития.

Стоит отметить, что генетическое разнообразие играет ключевую роль в формировании адаптационных механизмов популяций к изменяющимся условиям окружающей среды, что особенно актуально в условиях Арктического региона с его климатическими особенностями и высокой степенью антропогенного воздействия [11, 12].

Таким образом, применение методов анализа генетического полиморфизма является перспективным направлением — как для научных, так и для прикладных исследований, что позволит осуществлять всесторонний мониторинг и контроль состояния популяций. Внедрение данных о ДНК-полиморфизме в селекционно-племенную работу обеспечит разработку и реализацию наиболее эффективных методов повышения продуктивности и адаптационных способностей северного оленя [13].

Цель исследований — проведение сравнительной генетической оценки двух популяций северных оленей ненецкой породы, относящихся к уральскому экотипу.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Исследования проводили с 2024 по 2025 год в лаборатории северного оленеводства Тюменского научного центра Сибирского отделения Российской академии наук. Объектом исследования являлись северные олени ненецкой породы, разводимые в двух территориально близких регионах — Республике Коми ($n = 100$) и ЯНАО ($n = 100$).

Животные Республики Коми (PSK) представляли стадо, принадлежащее сельскохозяйственному потребительскому кооперативу «Оленевод» (г. Воркута, Россия). Популяция ЯНАО состояла из особей Ямальской опытной станции (YOS) Тюменского научного центра (г. Салехард, Россия). На основании географического критерия и фенотипических характеристик обе популяции классифицируются как представители уральского экотипа породы с условным разделением, обусловленным Уральскими горами.

В качестве биологического материала для генетического анализа использовали ткани ушной раковины или пантов, полученных во время плановых коральных работ. Для предотвращения деградации нуклеиновых кислот пробы были помещены в пластиковые пробирки Эппendorфа и зафиксированы 96%-ным этиловым спиртом.

ПЦР-исследования выполнены в Российской инновационной биотехнологической компании ООО «Гордиз» (г. Москва, Россия).

Процедуру выделения ДНК осуществляли с применением коммерческого набора DNeasy Blood & Tissue Kit производства компании Qiagen (Германия). Генотипирование проводили методом анализа 16 микросателлитных локусов с использованием тест-системы COrDIS Reindeer (Россия).

Для детекции флуоресцентно-меченых фрагментов применяли метод мультиплексной ПЦР в сочетании с капиллярным электрофорезом.

Специфичность генотипирования подтверждалась с использованием контрольных образцов, входящих в состав аналитического комплекта.

С использованием программного обеспечения GenAIEx 6.503¹ был проведен анализ ключевых генетических характеристик для каждой популяции: количество наблюдаемых (N_a) и эффективных (N_e) аллелей, индекс Шеннона (I), уровни наблюдаемой (H_o) и ожидаемой (H_e) гетерозиготности, а также индексы фиксации (Fis, Fst). Кроме того, было проведено изучение для каждой выборки уникальных аллелей, включая их частоту (q) и суммарную частоту (Σq).

Для оценки генетических дистанций между двумя популяциями были использованы различные методологические подходы: DN^2 , Fst , Gst , $G'stN$, $G'stH$, $G''st$, $Dest$ ³.

¹ Peakall R., Smouse P.E. GenAIEx 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

Результаты и обсуждение / Results and discussion

В таблице 1 отображены основные генетические характеристики исследуемых популяций северного оленя, полученные на основе анализа 16 микросателлитных маркеров.

На основании анализа микросателлитных маркеров установлен значительный полиморфизм по всем исследуемым локусам, за исключением локуса C32. Популяция PSK продемонстрировала полную мономорфность данного локуса, тогда как в популяции YOS выявлены два аллельных варианта, при этом второй аллель в популяции YOS имел крайне низкую частоту встречаемости (0,005), что может свидетельствовать о процессе его селективной элиминации из генофонда под давлением как естественного, так и искусственного отбора.

Наибольший уровень полиморфизма микросателлитов был зарегистрирован в локусе BMS1788 ($Na = 11-12$) и OheQ ($Na = 14-13$). В целом популяция PSK имела на три наблюдаемых аллеля больше по сравнению с популяцией YOS. Локусы Rt1, Rt9 и OheQ в обеих выборках характеризовались максимальным числом эффективных аллелей ($Ne > 6$). Сравнительный анализ наблюданого и эффективного числа аллелей показал, что наиболее близкое соответствие ($Na/Ne < 1,5$) для популяции YOS присутствовало в локусах Rt1, Rt9 и C217, а для PSK — по Rt9, C217 и C32.

Индекс Шеннона, используемый для оценки генетической энтропии, демонстрировал значительное аллельное разнообразие ($I > 2$) в локусах Rt1 (PSK) и OheQ (PSK и YOS). В то же время минимальные значения индекса ($I < 1$) были установлены в локусах BMS745 и C276. В целом популяция

Таблица 1. Сравнительный анализ генетического полиморфизма двух популяций северного оленя на основе 16 микросателлитных маркеров

Table 1. Comparative analysis of the genetic polymorphism of two reindeer populations based on 16 microsatellite markers

Локус	Pop	Na	Ne	Na/Ne	I	Ho	He	uHe	Fis
BMS1788	PSK	12	5,097	2,354	1,890	0,750	0,804	0,808	0,067
	YOS	11	5,378	2,045	1,973	0,810	0,814	0,818	0,005
Rt30	PSK	8	2,417	3,310	1,160	0,620	0,586	0,589	-0,058
	YOS	7	2,157	3,245	1,027	0,530	0,537	0,539	0,012
Rt1	PSK	11	6,759	1,627	2,048	0,900	0,852	0,856	-0,056
	YOS	9	6,305	1,427	1,969	0,880	0,841	0,846	-0,046
Rt9	PSK	8	6,447	1,241	1,928	0,940	0,845	0,849	-0,113
	YOS	8	6,037	1,325	1,895	0,810	0,834	0,839	0,029
C143	PSK	3	1,774	1,691	0,751	0,430	0,436	0,438	0,014
	YOS	3	1,590	1,887	0,676	0,350	0,371	0,373	0,057
Rt7	PSK	8	2,969	2,695	1,418	0,660	0,663	0,667	0,005
	YOS	9	3,039	2,962	1,470	0,670	0,671	0,674	0,001
OheQ	PSK	14	6,875	2,036	2,212	0,840	0,855	0,859	0,017
	YOS	13	6,988	1,860	2,166	0,880	0,857	0,861	-0,027
FCB193	PSK	8	4,337	1,845	1,645	0,820	0,769	0,773	-0,066
	YOS	7	4,297	1,629	1,607	0,740	0,767	0,771	0,036
Rt6	PSK	10	4,432	2,256	1,781	0,870	0,774	0,778	-0,124
	YOS	10	3,831	2,610	1,656	0,740	0,739	0,743	-0,001
Rt24	PSK	10	4,749	2,106	1,801	0,760	0,789	0,793	0,037
	YOS	9	4,654	1,934	1,750	0,740	0,785	0,789	0,058
BMS745	PSK	5	2,048	2,441	0,904	0,510	0,512	0,514	0,004
	YOS	5	2,202	2,271	0,902	0,510	0,546	0,549	0,066
NVHRT16	PSK	6	3,662	1,638	1,471	0,710	0,727	0,731	0,023
	YOS	7	3,332	2,101	1,430	0,690	0,700	0,703	0,014
T40	PSK	7	3,794	1,845	1,521	0,730	0,736	0,740	0,009
	YOS	8	4,735	1,690	1,747	0,830	0,789	0,793	-0,052
C276	PSK	5	1,945	2,571	0,948	0,520	0,486	0,488	-0,071
	YOS	5	1,631	3,066	0,793	0,350	0,387	0,389	0,095
C217	PSK	6	4,103	1,462	1,536	0,780	0,756	0,760	-0,031
	YOS	6	4,039	1,486	1,494	0,720	0,752	0,756	0,043
C32	PSK	1	1,000	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	YOS	2	1,020	1,961	0,056	0,020	0,020	0,020	-0,010
В среднем по Pop	PSK	7,625±0,836	3,901±0,454	2,007±0,147	1,438±0,142	0,678±0,058	0,662±0,055	0,665±0,056	-0,023±0,014
	YOS	7,438±0,713	3,827±0,453	2,094±0,148	1,413±0,143	0,642±0,059	0,651±0,057	0,654±0,057	0,017±0,010*
В среднем по двум Pop		7,531±0,541	3,864±0,315	2,051±0,105	1,426±0,099	0,660±0,041	0,656±0,039	0,660±0,039	-0,002±0,009

Примечание: * различия достоверны ($p \leq 0,05$) по отношению к значениям PSK.

YOS показала несколько более низкий уровень аллельного разнообразия Шеннона по сравнению с выборкой PSK.

При исключении значений локуса C32 популяция Республики Коми характеризовалась максимальным уровнем наблюдаемой гетерозиготности по Rt9 (0,940) и минимальным — по C143 (0,430). В свою очередь, выборка ЯНАО демонстрировала максимальные показатели гетерозиготности в локусах Rt1 и OheQ (0,880) и минимальные значения по C143 и C276 (0,350). В обеих исследуемых популяциях ожидаемая гетерозиготность была максимальной для локуса OheQ (0,855–0,857) и минимальной — для C143 (0,371–0,436). Несмешенные оценки ожидаемой гетерозиготности демонстрировали сопоставимые значения.

Полокусная оценка величины индекса фиксации показала, что для популяции PSK характерен выраженный избыток гетерозиготности в локусах Rt9 (-0,113) и Rt6 (-0,124), тогда как в локусе BMS1788 наблюдается ее дефицит (0,067). В популяции YOS избыток гетерозиготности зафиксирован в локусе T40 (-0,052), а дефицит — в локусе C276 (0,095).

По результатам статистического анализа установлено, что популяция PSK обладает достоверно более высоким запасом гетерозиготности на 0,040 ($p \leq 0,05$) по сравнению с популяцией YOS.

Анализ соответствия наблюдаемого распределения генотипов ожидаемым частотам в соответствии с законом Харди — Вайнберга (табл. 2) свидетельствует, что в популяции северных оленей Республики Коми достоверное отклонение наблюдается в трех локусах: Rt30 ($p = 0,004$), Rt24 ($p = 0,000$) и T40 ($p = 0,000$), тогда как у оленей ЯНАО наибольшее несоответствие присутствовало в двух локусах — Rt24 ($p = 0,013$) и C217 ($p = 0,019$). В целом по исследуемому экотипу значимые отклонения зарегистрированы по локусам Rt30 ($p = 0,002$) и Rt24 ($p = 0,009$).

Комплексный анализ аллельных вариаций, специфичных для каждой исследуемой популяции, выявил наличие 7 уникальных последовательностей в выборке PSK, отсутствующих у оленей YOS. В то же время популяция YOS демонстрировала наличие 4 микросателлитных маркеров, необнаруженных у особей PSK (табл. 3).

Суммарная частота приватных аллелей в выборке животных Республики Коми составила 6%, тогда как в популяции, обитающей в ЯНАО, данный показатель составил 4%. Эти результаты подчеркивают присутствие генетической дивергенции между изучаемыми популяциями.

На рисунке 1 представлена графическая интерпретация

Таблица 2. Значимость отклонений от равновесия Харди — Вайнберга для каждой комбинации «выборка — локус» (P)

Table 2. Significance of deviations from the Hardy — Weinberg equilibrium for each sample — locus combination (P)

Локус	PSK	YOS	В среднем по двум Pop
BMS1788	0,968	0,271	0,558
Rt30	0,004	1,000	0,002
Rt1	0,993	0,390	0,912
Rt9	0,435	0,711	0,739
C143	0,784	0,460	0,754
Rt7	0,197	0,985	0,568
OheQ	0,592	0,957	0,971
FCB193	0,340	0,581	0,577
Rt6	0,619	0,111	0,051
Rt24	0,000	0,013	0,009
BMS745	0,982	0,262	0,587
NVHRT16	0,269	0,381	0,130
T40	0,000	0,650	0,053
C276	0,986	0,463	0,796
C217	0,747	0,019	0,799
C32	мономорфный	0,920	0,943

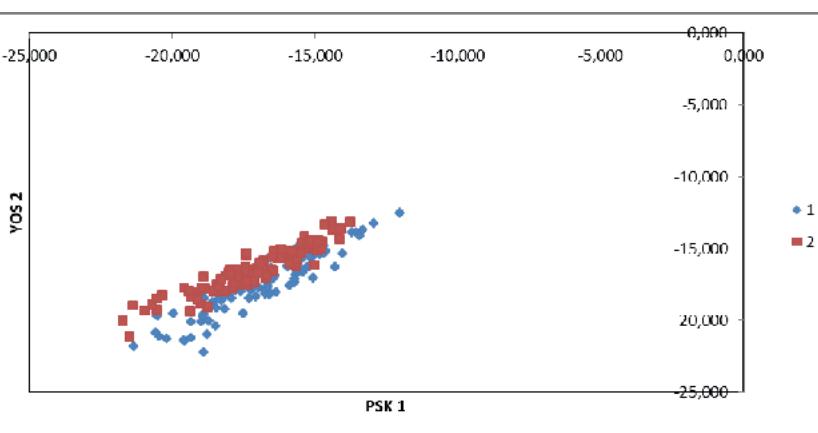
Таблица 3. Специфические для каждой исследуемой популяции аллельные варианты микросателлитных последовательностей

Table 3. Allelic variants of microsatellite sequences specific to each study population

Pop	Локус	Аллель	q	Σq
PSK	BMS1788	148	0,005	0,060
	Rt30	207	0,005	
	Rt1	241	0,005	
		265	0,015	
	OheQ	287	0,010	
	FCB193	130	0,010	
	Rt24	254	0,010	
YOS	Rt7	238	0,015	0,040
	NVHRT16	142	0,005	
	T40	204	0,010	
		219	0,010	

Рис. 1. Визуализация генетического распределения, отражающая принадлежность индивидов к определенной популяции: 1 — PSK, 2 — YOS

Fig. 1. Visualization of the genetic distribution, reflecting the belonging of individuals to a certain population: 1 — PSK, 2 — YOS



генетического распределения, демонстрирующая принадлежность индивидов к определенной популяции и уровень их генетической однородности.

Анализ данных позволяет сделать вывод о повышенной генетической консолидации северных оленей популяции YOS, в то время как выборка PSK демонстрирует более высокую частоту встречаемости особей с уникальными генотипами, нехарактерными для основного массива животных.

На рисунке 2 отражена стандартная генетическая дистанция Нея (DN), рассчитанная для каждого отдельного локуса.

Анализ данных выявил, что наибольшая степень расхождения наблюдается в локусах BMS1788 (0,029), Rt1 (0,028), T40 и OheQ (0,020). Следует отметить, что в среднем величина генетической дистанции Нея между исследуемыми популяциями оказалась незначительной — 0,015. Эти результаты свидетельствуют о низком уровне генетической дивергенции между анализируемыми выборками.

Учитывая, что стандартная генетическая дистанция Нея может не полностью отражать истинную генетическую дивергенцию между популяциями, в таблице 4 представлены результаты расчетов, выполненных с использованием альтернативных статистических методов.

В результате проведенного анализа установлено, что индекс фиксации Райта (*Fst*), который отражает уровень структурирования аллельных частот, свидетельствует о наличии умеренной дивергенции ($Fst \geq 0,05$) между изучаемыми популяциями по локусам BMS1788, Rt1, C143, C276 и C32. В то же время значительная дивергенция ($Fst \geq 0,15$) наблюдается по локусу BMS745, тогда как по остальным локусам выявлена слабая дивергенция.

Оценка, основанная на коэффициенте генной дифференциации (*Gst*), продемонстрировала значимые различия между популяциями: максимальные достоверные расхождения были зафиксированы в локусах Rt1 ($Gst = 0,005$; $p \leq 0,01$), BMS745 ($Gst = 0,013$; $p \leq 0,01$) и C276 ($Gst = 0,06$; $p \leq 0,05$). Модифицированные методы стандартизированной оценки дифференциации генов по Нею и Хедрику подтвердили полученные результаты, обеспечив сопоставимые значения индексов дивергенции. Дополнительно анализ, основанный на изменчивости эффективного числа аллелей (*Dest*), выявил истинную аллельную дифференацию между популяциями в локусах Rt1 ($Dest = 0,057$; $p \leq 0,01$), BMS745 ($Dest = 0,029$; $p \leq 0,01$) и C276 ($Dest = 0,009$; $p \leq 0,05$).

В целом результаты статистического анализа демонстрируют наличие достоверно значимых различий ($p \leq 0,01$) в частотах аллелей для исследуемых микросателлитных маркеров между анализируемыми выборками. Среднее значение дивергенции, рассчитанное с использованием

Рис. 2. Генетическое расстояние между сравниваемыми популяциями северных оленей, рассчитанное по Нею (DN)⁴

Fig. 2. The genetic distance between the compared populations of reindeer, calculated from (DN)⁴

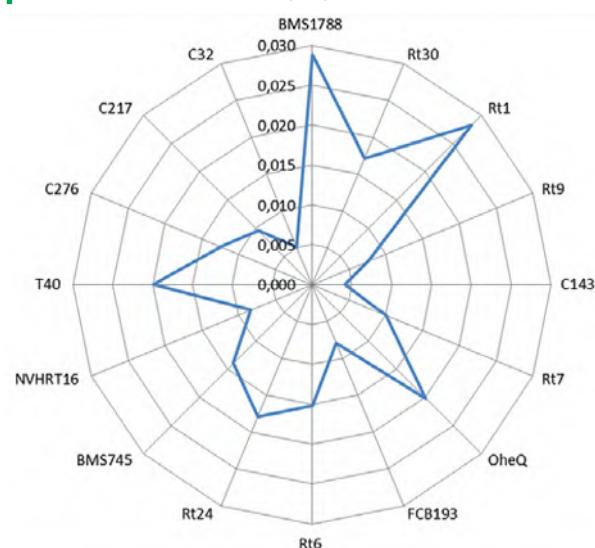


Таблица 4. Анализ генетической дивергенции между исследуемыми популяциями с применением различных статистических методов

Table 4. Analysis of the genetic divergence between the studied populations using various statistical methods

Локус	<i>Fst</i>	<i>Gst</i>	<i>G'stN</i>	<i>G'stH</i>	<i>G'st</i>	<i>Dest</i>
BMS1788	0,005	0,002	0,005	0,023	0,026	0,021
Rt30	0,003	0,000	0,000	0,001	0,001	0,001
Rt1	0,007**	0,005**	0,010**	0,062**	0,066**	0,057**
Rt9	0,003	0,001	0,002	0,010	0,011	0,009
C143	0,005	0,003	0,005	0,006	0,009	0,004
Rt7	0,000	-0,002	-0,004	-0,011	-0,013	-0,009
OheQ	0,002	0,000	-0,001	-0,005	-0,005	-0,005
FCB193	0,001	-0,002	-0,003	-0,012	-0,014	-0,011
Rt6	0,002	0,000	0,000	-0,001	-0,002	-0,001
Rt24	0,002	0,000	-0,001	-0,004	-0,004	-0,003
BMS745	0,015**	0,013**	0,025**	0,042**	0,054**	0,029**
NVHRT16	0,002	-0,001	-0,001	-0,004	-0,005	-0,003
T40	0,004	0,001	0,002	0,009	0,011	0,008
C276	0,008*	0,006*	0,012*	0,015*	0,021*	0,009*
C217	0,004	0,001	0,003	0,010	0,012	0,009
C32	0,005	0,003	0,005	0,003	0,005	0,000
В среднем	0,004**	0,001**	0,003**	0,007**	0,009**	0,006**

Примечание: значения достоверны * ($p \leq 0,05$), ** ($p \leq 0,01$).

различных методов, варьирует в диапазоне от 0,001 до 0,009. Эти данные подтверждают наличие генетической дифференциации между популяциями, которая обусловлена географической изоляцией, генетическим дрейфом и различными векторами естественного и искусственного отбора.

Выводы/Conclusions

Сравнительный генетический анализ двух региональных популяций северного оленя ненецкой породы уральского экотипа выявил значительное сходство по ряду анализируемых генетических

⁴ Nei M. Genetic distance between populations. Amer. Natur. 1972; 106(949): 283–292. URL: <https://www.jstor.org/stable/2459777>

маркеров. Однако установлено, что популяция PSK демонстрирует несколько более высокий уровень генетического разнообразия и гетерозиготности по сравнению с северными оленями YOS. Кроме того, выборка PSK характеризуется отрицательными значениями индекса фиксации, что указывает на минимальный уровень инбридинга, в то время как в популяции YOS наблюдается незначительное нарастание Fis.

Различия в индексе фиксации между двумя популяциями являются статистически значимыми ($p \leq 0,05$) и составляют 0,040. Частоты аллелей северных оленей Республики Коми в большей степени отличаются от равновесия Харди — Вайнберга, что может быть обусловлено более интенсивным генетическим дрейфом, действием естественного и искусственного отбора и миграционными процессами, по сравнению с YOS.

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

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

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Мухачев А.Д., Харючи Г.П., Южаков А.А. Кочующие через века: оленеводческая культура и этнобиология тундровых ненцев. Салехард; Екатеринбург: Креативная команда «Кипяток». 2010; 135. ISBN 978-5-904781-05-7
<https://www.elibrary.ru/qlbivr>
2. Южаков А.А., Романенко Т.М., Лайшев К.А. Новые знания, методы и модели в разведении, экологии и эпизоотологии северных оленей. СПб.; Пушкин: СЗЦППО. 2018; 72. ISBN 978-5-9905152-9-1
<https://www.elibrary.ru/uxxmiy>
3. Ильина Л.А. и др. Популяционная структура микробных сообществ в рубце северных оленей Российской Арктики в зимний период по данным высокопроизводительного секвенирования. *Генетика и разведение животных*. 2019; (2): 90–96.
<https://doi.org/10.31043/2410-2733-2019-2-90-96>
4. Laishev K.A., Ilyina L.A., Filippova V.A., Dunyashev T.P., Laptev G.Yu., Abakumov E.V. Rumen bacterial community of young and adult of reindeer (*Rangifer tarandus*) from Yamalo-Nenets Autonomous District of Russia. *Open Agriculture*. 2020; 5(1): 10–20.
<https://doi.org/10.1515/opag-2020-0001>
5. Южаков А.А., Мухачев А.Д., Лайшев К.А. Породы и проблемы селекции северных оленей России. М.: Наука. 2023; 151. ISBN 978-5-02-040992-7
<https://www.elibrary.ru/uxnwum>
6. Харзинова В.Р., Деникова Т.Е., Сермягин А.А., Доцев А.В., Соловьева А.Д., Зиновьева Н.А. Эволюция методов оценки биоразнообразия северного оленя (*Rangifer tarandus*) (обзор). *Сельскохозяйственная биология*. 2017; 52(6): 1083–1093.
<https://doi.org/10.15389/agrobiology.2017.6.1083rus>
7. 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>
8. 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://www.elibrary.ru/pgfvf>
9. Глазко В.И. Проблемы «Селекции с помощью маркеров» (MAS). *Farm animals*. 2013; (2): 16–22.
<https://www.elibrary.ru/qjcsmf>

Популяция PSK характеризуется меньшей консолидацией генотипов и более высокой частотой распространения приватных аллелей по сравнению с YOS. Анализ генетических дистанций между популяциями показал достоверные различия — как по отдельным локусам, так и по совокупности 16 микросателлитных маркеров.

В целом можно заключить, что популяция YOS демонстрирует меньшую подверженность генетическим преобразованиям и факторам отбора, а также находится в большей изоляции от животных других популяций по сравнению с PSK. Поэтому для предотвращения негативных генетических последствий и сохранения генетического разнообразия стада YOS необходимо усилить контроль за селекционной работой и рассмотреть возможность завоза производителей из других оленеводческих хозяйств для снижения уровня инбридинга.

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 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.

REFERENCES

1. Mukhachev A.D., Kharyuchi G.P., Yuzhakov A.A. Nomads through the centuries: reindeer herding culture and ethnoecology of the Tundra Nenets. Salekhard; Yekaterinburg: *Kipyatok Creative Team*. 2010; 135 (in Russian). ISBN 978-5-904781-05-7
<https://www.elibrary.ru/qlbivr>
2. Yuzhakov A.A., Romanenko T.M., Layshev K.A. New knowledge, methods and models in breeding, ecology and epizootiology of reindeer. Saint Petersburg; Pushkin: *Northwest Center for Interdisciplinary Problems of Food Security*. 2018; 72 (in Russian). ISBN 978-5-9905152-9-1
<https://www.elibrary.ru/uxxmiy>
3. Ilyina L. et al. Population structure of microbial communities in the Russian Arctic reindeer's rumen in the winter period according to high-throughput sequencing data. *Genetics and breeding of animals*. 2019; (2): 90–96 (in Russian).
<https://doi.org/10.31043/2410-2733-2019-2-90-96>
4. Laishev K.A., Ilyina L.A., Filippova V.A., Dunyashev T.P., Laptev G. Yu., Abakumov E.V. Rumen bacterial community of young and adult of reindeer (*Rangifer tarandus*) from Yamalo-Nenets Autonomous District of Russia. *Open Agriculture*. 2020; 5(1): 10–20.
<https://doi.org/10.1515/opag-2020-0001>
5. Yuzhakov A.A., Mukhachev A.D., Layshev K.A. Breeds and breeding problems of reindeer in Russia. Moscow: *Nauka*. 2023; 151 (in Russian). ISBN 978-5-02-040992-7
<https://www.elibrary.ru/uxnwum>
6. 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/agrobiology.2017.6.1083eng>
7. 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>
8. 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://www.elibrary.ru/pgfvf>
9. Glazko V.I. Problems of “Marker-assisted breeding (MAS). *Farm animals*. 2013; (2): 16–22 (in Russian).
<https://www.elibrary.ru/qjcsmf>

10. Смарагдов М.Г. Тотальная геномная селекция с помощью SNP как возможный ускоритель традиционной селекции. *Генетика*. 2009; 45(6): 725–728.
<https://www.elibrary.ru/kmlmw>
11. Федоров В.И., Румянцева Т.Д., Роббек Н.С., Слепцов Е.С., Винокуров Н.В. К вопросу адаптации северных домашних оленей эвенской породы к горно-таежной зоне северо-востока России. *Генетика и разведение животных*. 2018; (1): 115–121.
<https://doi.org/10.31043/2410-2733-2018-1-115-121>
12. Колосова О.Н., Кершенгольц Б.М. Сезонные изменения уровня эндогенных этанола и ацетальдегида в крови крупных растительноядных млекопитающих Арктики и Субарктики. *Природные ресурсы Арктики и Субарктики*. 2022; 27(2): 268–276 (на англ. яз.).
<https://doi.org/10.31242/2618-9712-2022-27-2-268-276>
13. Nikolaev S.V., Matyukov V.S., Filatov A.V. Изменения микросателлитного профайла в опытном стаде северных оленей ненецкой породы. *Международный вестник ветеринарии*. 2023; (3): 275–283.
<https://doi.org/10.52419/issn2072-2419.2023.3.275>
10. Smaragdov M.G. Genomic selection as a possible accelerator of traditional selection. *Russian Journal of Genetics*. 2009; 45(6): 633–636.
<https://doi.org/10.1134/S1022795409060015>
11. Fedorov V.I., Rumyantseva T.D., Robbek N.S., Sleptsov E.S., Vinokurov N.V. The question of the reindeer of Even breeds adaptation to the mountain taiga zone in the north-east of Russia. *Genetics and breeding of animals*. 2018; (1): 115–121 (in Russian).
<https://doi.org/10.31043/2410-2733-2018-1-115-121>
12. Kolosova O.N., Kershengolts B.M. Seasonal changes in the level of endogenous ethanol and acetaldehyde in the blood of large herbivorous mammals of the Arctic and Subarctic. *Arctic and Subarctic Natural Resources*. 2022; 27(2): 268–276.
<https://doi.org/10.31242/2618-9712-2022-27-2-268-276>
13. Nikolae 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>

ОБ АВТОРАХ

Семён Викторович Николаев

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

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

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>

Andrey Viktorovich Filatov

Doctor of Veterinary Sciences, Research 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