

Изучение популяционной структуры и генетического разнообразия чукотской породы северного оленя на основе анализа микросателлитов

В. Р. ХАРЗИНОВА¹, А. В. КУДРЯВЦЕВ², М. Н. СЕМЕРИКОВА³, Н. А. ЗИНОВЬЕВА¹

¹Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста, п. Дубровицы, 60, г.о. Подольск, Московская обл., 142132, Российская Федерация

²Департамент сельского хозяйства и продовольствия Чукотского автономного округа, Отке, 4, Анадырь, Чукотский автономный округ, 689000, Российская Федерация

³Автономная некоммерческая организация «Чукотский арктический научный центр», Отке, 26, Анадырь, Чукотский автономный округ, 689000, Российская Федерация

Резюме. Исследования проводили с целью характеристики генетического разнообразия и изучения генетических взаимоотношений популяций чукотской породы северного оленя на основе анализа микросателлитов. Выборка включала 580 северных оленей чукотской породы, из оленеводческих сельхозпредприятий, расположенных в Анадырском (ADR, n=100), Билибинском (BIL, n=147), Чаунском (CHA n=100), Иультинском (село Конергино – ILK, n=100 и село Амгуэма – ILA, n=100) муниципальных районах Чукотского автономного округа, а также в Нижнеколымском улусе (NKL, n=33) Республики Саха (Якутия). Полиморфизм 9 микросателлитов определяли на генетическом анализаторе ABI3130xl. Для оценки аллелофонда каждой выборки рассчитывали рарифицированное аллельное разнообразие (A_R), наблюдаемую (H_o) и несмещенную ожидаемую (H_e) гетерозиготность, а также несмещенный коэффициент инбридинга (F_{IS}). Оценку генетической структуры исследуемых выборок выполняли посредством анализа главных компонент (Principal Component Analysis, PCA). Степень генетической дифференциации определяли на основе оценки попарных значений F_{ST} с последующим построением филогенетического дерева. Все использованные локусы микросателлитов характеризовались высокой степенью полиморфизма с максимальным количеством аллелей на локус равным 18. Наименьшее аллельное и генетическое разнообразие выявлено в популяции ADR: $A_R=6,124\pm0,676$, $H_o=0,511\pm0,071$, $H_e=0,587\pm0,072$, что вероятно обусловлено очень низкой или нулевой миграцией новых генов в этом стаде. Группа NKL характеризовалась самыми высокими величинами A_R и H_e – $7,626\pm0,377$ и $0,776\pm0,028$ соответственно. При этом наибольшая наблюдаемая гетерозиготность ($0,809\pm0,055$) детектирована в популяции ILK. По результатам PCA отмечено формирование трех массивов с наибольшей дифференциацией особей из стада ILK, что также было выявлено при анализе структуры филогенетической дендрограммы. Такая картина может быть обусловлена более направленным отбором, принятым в сельхозпредприятии. У популяций BIL и NKL, а также CHA, ADR и ILA отмечена близкая генетическая структура, что может быть связано, как с общей территорией выпаса стад, так и с тесным обменом производителями.

Ключевые слова: домашний северный олень, чукотская порода, генетическое разнообразие, микросателлиты.

Сведения об авторах: В. Р. Харзинова, кандидат биологических наук, ведущий или научный сотрудник (e-mail: veronika0784@mail.ru); А. В. Кудрявцев, зам. начальника (e-mail: a.kudryavtsev@dpsh.chukotka-gov.ru); М. Н. Семерикова, главный специалист (e-mail: koshornikovam@mail.ru); Н. А. Зиновьева, доктор биологических наук, академик РАН, директор (e-mail: n_zinovieva@mail.ru)

Для цитирования: Изучение популяционной структуры и генетического разнообразия чукотской породы северного оленя на основе анализа микросателлитов / В. Р. Харзинова, А. В. Кудрявцев, М. Н. Семерикова и др. // Достижения науки и техники АПК. 2023. Т. 37. № 9. С. 87–92. doi: 10.53859/02352451_2023_37_9_87

*работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, проект № 21-16-00071 (образцы чукотской породы, разводимой в оленеводческих сельхозпредприятиях Билибинского муниципального района Чукотского автономного округа и Нижнеколымского улуса Республики Саха (Якутия), а также STR-профили популяций дикого северного оленя), и при поддержке Министерства науки и высшего образования РФ тема № 0445-2022-0002 (образцы чукотской породы, разводимой в оленеводческих сельхозпредприятиях Анадырского, Чаунского и Иультинского муниципальных районов Чукотского автономного округа)

Study of the population structure and genetic diversity of the Chukotka reindeer breed based on the microsatellites analysis

V. R. Kharzinova¹, A. V. Kudryavtsev², M. N. Semerikova³, N. A. Zinovieva¹

¹Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, p. Dubrovitsy, 60, g.o. Podol'sk, Moskovskaya obl., 142132, Russian Federation

²Department of Agriculture and Food of the Chukotka Autonomous District, Otke, 4, Anadyr', Chukotskii avtonomnyi okrug, 689000, Russian Federation

³Autonomous non-profit organization «Chukotka Arctic Science Center», Otke, 26, Anadyr', Chukotskii avtonomnyi okrug, 689000, Russian Federation

Abstract. The aim of the work was to characterize the genetic diversity and study the genetic relationship of the populations of the Chukotka reindeer breed based on the microsatellites analysis. The study sample included 580 samples of the Chukotka breed bred in reindeer farms in the municipal districts of the Chukotka Autonomous Okrug: Anadyrsky (ADR, n=100), Bilibinsky (BIL, n=147), Chaunsky (CHA n=100), two enterprises of the Iultinsky district: village Konergino (ILK, n=100) and the village of Amguema (ILA, n=100) and the Nizhnekolymsky Uls of the Republic of Sakha (Yakutia) (NKL, n=33). Polymorphism of nine microsatellites was determined on the ABI3130xl genetic analyzer. To assess the allele pool of each sample, the rarified allelic diversity (A_R), observed (H_o) and unbiased expected (H_e) heterozygosity, and unbiased inbreeding coefficient (F_{IS}) were calculated. The genetic structure of the studied samples was assessed by means of Principal Component Analysis (PCA). The degree of genetic differentiation was assessed based on pairwise F_{ST} values, followed by the construction of a phylogenetic tree. In our study, all used microsatellite loci were characterized by a high degree of polymorphism with a maximum number of alleles per locus equal to 18. The minimum values of both allelic and genetic diversity were found in ADR: $A_R=6.124\pm0.676$, $H_o=0.511\pm0.071$, $H_e=0.587\pm0.072$, which is probably due to minimal or no migration of new genes in this herd. The NKL group had the maximum A_R and H_e values: $=7.626\pm0.377$ and 0.776 ± 0.028 . At the same time, the maximum H_o values were detected in ILK: 0.809 ± 0.055 . PCA showed the formation of three arrays, with the greatest differentiation of ILK individuals, which was also revealed by the analysis of the structure of the phylogenetic dendrogram, which may be the result of a directional selection adopted in the agricultural enterprise. BIL and NKL, as well as CHA, ADR and ILA, showed a close genetic structure, which can be explained both by the common grazing area of the herds and by the close exchange of stags.

Keywords: domestic reindeer, Chukotka breed, genetic diversity, microsatellites

Author Details: V. R. Kharzinova, Cand. Sc. (Biol.), leading research fellow (e-mail: veronika0784@mail.ru); A. V. Kudryavtsev, deputy

head of department (e-mail: a.kudrjavcev@dps.chukotka-gov.ru); M. N. Semerikova, main specialist (e-mail: koshornikovamn@mail.ru); N. A. Zinovieva, D. Sc. (Biol.), member of the RAS, director (e-mail: n_zinovieva@mail.ru)
For citation: Kharzinova VR, Kudryavtsev AV, Semerikova MN, et al. [Study of the population structure and genetic diversity of the Chukotka reindeer breed based on the microsatellites analysis]. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK*. 2023;37(9):87–92. Russian. doi: 10.53859/02352451_2023_37_9_87

Важнейшая отрасль сельского хозяйства Крайнего Севера – оленеводство, составляющее основу экономики и уклада жизни коренных жителей этого региона. Создание механизмов развития социально-экономического потенциала коренных малочисленных народов – один из приоритетов национальной политики Российской Федерации, что отражено в ряде официальных документов, утвержденных Президентом Российской Федерации и Правительством Российской Федерации [1].

В России сосредоточено две трети мирового поголовья домашних северных оленей, численность которого составляет почти 2 млн особей. Многовековой процесс целенаправленного использования определенных комплексных мероприятий (бонитировка, оценка биологических особенностей и мониторинг заболеваний животных, организация выпаса и технологии крупностадного содержания) в районах Крайнего Севера, а также научно обоснованная селекция и чистопородное разведение в годы существования Советского Союза нашли отражение в создании уникальных популяций, различающихся не только экстерьером, но и фенотипическими признаками. В 1985 г. эти различия были закреплены приказом № 212 Министерства сельского хозяйства СССР путем официального признания четырех пород северных оленей: ненецкой, эвенской, эвенкийской и чукотской, последняя из них считается наиболее молодой. Развитие оленеводства на Чукотке происходило на протяжении XVI–XIX вв. По данным Крушанова А.И. [2], сведения о численности северного оленя в этот период отсутствуют. О наличии у большинства местных жителей некоторого количества северных оленей есть только косвенные свидетельства. В целом, чукотское оленеводство в конце XVII в. и первой половине XVIII в. еще не было самостоятельным промыслом и органично сосуществовало вместе с охотой. С начала XVIII в. чукчи угоняли северных оленей у коряков, прекратились такие набеги только концу XIX в. С тех пор оленеводство в регионе развивается в результате культурного разведения животных. Основной продукцией чукотской породы оленей считают мясо и шкуры, что ограничивает ее использование для транспортных работ. Даже выпас и охрану стад осуществляли пешком. Для обеспечения сохранности оленей из стад постоянно выбраковывали наиболее подвижных животных, а также особей с ослабленным инстинктом стадности [3]. В результате возникла характерная особенность чукотских оленей, которая заключается в очень интенсивном использовании пастбищных территорий даже с низким содержанием кормов из-за малой подвижности. Таким образом, в результате народной селекции была создана уникальная аборигенная порода северных оленей, которой присущи высокая мясная продуктивность и энергия роста, ранний гон и отел, а также высокая приспособленность к условиям среды арктической и субарктической тундры [4]. Животных этой породы разводят на территории Чукотского и Камчатского полуострова, а также северо-востока Якутии. При этом сравнительный межрегиональный анализ оленеводческой отрасли показал, что один из регионов-лидеров по поголовью и объемам производства – Чукотский автономный округ, в котором увеличение общего поголовья северных оленей за последние двадцать лет составило 17 % [1].

В период перехода к рыночным отношениям стихийные социально-экономические процессы в стране привели к снижению численности северных оленей в 5...6 раз, что нанесло генофонду чукотской породы значительный урон [5]. В 2000 г. были приняты меры по целенаправленной государственной поддержке северного оленеводства, что дало возможность повысить динамичность развития отрасли [3]. При этом необходим постоянный мониторинг численности чукотской аборигенной породы, так как она относится к культурному наследию регионов севера Дальнего Востока [6].

С целью уменьшения потери уникальных аллелей и сохранения генофонда чукотской породы следует также контролировать уровень ее генетического разнообразия. Поддержание в популяциях оптимальной степени генетической изменчивости и гетерозиготности необходимо для сохранения способности животных адаптироваться к условиям окружающей среды (изменениям климата, отрицательному действию вредных веществ) [7]. Исходя из изложенного, для наиболее объективного представления о генетическом разнообразии популяций актуально применение молекулярно-генетических методов. Они основаны на использовании определенных ДНК-маркеров, которые содержат информацию о каждой области генома, независимо от уровня экспрессии генов. Использование микросателлитных маркеров – одним из самых современных инструментов изучения генетического разнообразия, расчета генетических дистанций, выявления эффекта «бутылочного горлышка» и адмиксии благодаря высокой степени полиморфизма, случайному распределению по всему геному и кодоминантному типу наследования [8].

Прикладная значимость микросателлитов в оценке генетической структуры пород и популяций северного оленя описана в работах ученых разных стран [9, 10]. Обширные сведения о генетических параметрах популяций северного оленя чукотской породы получены с использованием ISSR-PCR-метода [4, 5, 6]. Полиморфизм микросателлитных локусов в чукотской породе был описан в работах нескольких авторов [9, 11, 12]. Однако их исследования предусматривали оценку единичных популяций. Попыток дать характеристику генетической структуры чукотской породы на значительной территории в сельхозпредприятиях Чукотского автономного округа, а также Республики Саха (Якутия), ранее не предпринимали.

Цель исследований – характеристика генетического разнообразия и популяционной структуры нескольких групп чукотской породы северного оленя, разводимых в Чукотском автономном округе и Республике Саха (Якутия), а также оценка степени генетической дифференциации исследуемых выборок в сравнении с тундровой популяцией дикого северного оленя, для предотвращения потери уникальных аллелей чукотской породы и поддержания оптимального уровня генетического разнообразия для устойчивого сохранения и управления исследованной популяцией в целом.

Условия, материалы и методы. Исследуемая выборка была представлена 580 особями северного оленя чукотской породы, разводимой в сельхозпредприятиях Анадырского (ADR, n=100), Билибинского (BIL, n=147), Чаунского (CHA n=100) и Иультинского (село Конергино

– ILK, $n=100$ и село Амгуэма – ILA, $n=100$) муниципальных районов Чукотского автономного округа, а также Нижнеколымского улуса (NKL, $n=33$) Республики Саха (Якутия). Исходным материалом для исследований служили образцы ткани животных (срезы с рогов). Кроме того, в исследование были включены микросателлитные генотипы тундровых форм дикого северного оленя, включая популяцию, обитающую на территории Чукотского автономного округа (WCH, $n=22$) и лено-оленьскую популяцию горно-таежных районов Якутии (WLN, $n=40$).

Все образцы ткани, а также STR-генотипы северных оленей были взяты из биобанка «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы» (зарегистрирован Минобрнауки РФ № 498808), созданной и поддерживаемой в ФГБНУ ФИЦ животноводства — ВИЖ им. академика Л. К. Эрнста.

Работу проводили в 2022–2023 гг. на оборудовании центра коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста. Выделение ДНК осуществляли с использованием набора реагентов «ДНК-Экстрен» (ЗАО «Синтол», Россия), согласно протоколу фирмы-изготовителя. Мультиплексный анализ девяти локусов микросателлитов (NVHRT21, NVHRT24, NVHRT76, RT1, RT6, RT7, RT9), проводили на генетическом анализаторе ABI 3130xl (Applied Biosystems, США) с последующим определением длин аллелей микросателлитов в программном обеспечении GeneMapper v. 4.0. (Applied Biosystems). Для обработки полученных результатов формировали матрицу генотипов в программе Microsoft Excel. Анализ внутрипопуляционных параметров исследуемой выборки северных оленей был основан на определении аллельного разнообразия, рассчитанного с применением процедуры рарификации (A_R), наблюдаемой (H_o) и несмещенной ожидаемой (H_e) гетерозиготности, а также несмещенного коэффициента инбридинга (F_{IS}) с доверительным интервалом (CI) 95 %. Для этого использовали R пакет «diversity» с последующей визуализацией в пакете «rophelper». Анализ степени генетической дифференциации проводили на основе матрицы попарных значений F_{ST} с последующим построением филогенетического дерева по алгоритму «сети соседей» (Neighbor-Net) в программе SplitsTree 4.14.5 [13]. Оценку генетической структуры исследованных групп северного оленя осуществляли путем анализа главных компонент (Principal Component Analysis, PCA), проведенного с использованием R пакета adegenet с визуализацией в R пакете ggplot2. Исходные файлы формировали в программной среде R 3.5.0.

Результаты и обсуждение. При анализе полиморфизма девяти микросателлитов по исследованным выборкам северного оленя было детектировано 110 аллелей, что несколько ниже числа аллелей, выявленных в результате исследования генетического полиморфизма 16 микросателлитов [12], но больше, чем при анализе полиморфизма 11 микросателлитов [14], при использовании которых величина этого показателя была равна 116 и 85 соответственно. В среднем на локус приходилось 12,2 аллеля, что намного больше, чем при изучении чукотской породы Республики Саха (Якутия) [12] и оленей Шпицбергена

[15] – соответственно 7,25 и 2,4 аллелей на локус. Для исследованных выборок северного оленя наибольшая частота встречаемости аллелей была характерна для локусов RT6 115 (90 %), NVHRT76 105 (81 %) и NVHRT21 172 (71 %).

Согласно Sharma R. et al. [16], отбор микросателлитов с высоким уровнем полиморфности снижает риск переоценки генетической изменчивости, которая могла возникнуть при их селективном использовании. Для использования микросателлитного локуса при оценке генетического разнообразия желательно, чтобы он имел по меньшей мере 4 аллеля. В нашей работе, самое низкое число аллелей было отмечено у локуса NVHRT24 (6 аллелей), а наибольшей вариабельностью характеризовались локусы RT30 (18 аллелей) и RT1 (16 аллелей). При исследовании популяций северного оленя Китая количество аллелей на локус варьировало от 11 (локус RT1), до 4 (NVHRT31) [14]. Выявленные различия по среднему числу аллелей на локус и по аллельному полиморфизму микросателлитов в работах разных авторов могут быть объяснены отсутствием стандартизации используемых локусов микросателлитов, что вызывает ограничения в сравнении результатов.

По всем использованным в работе локусам микросателлитов выявлены статистически достоверные отклонения от состояния генетического равновесия (табл. 1). Для локуса RT9 высоко достоверное отклонение от состояния генетического равновесия ($p<0,001$) отмечали во всех исследуемых выборках северного оленя. У животных, разводимых в Билибинском районе и с. Амгуэма, отклонения от генетического равновесия были выявлены по всем локусам. При этом по локусам RT9, NVHRT24, RT1, RT6, RT7 и RT27 оно было высоко достоверным ($p<0,001$). В дикой чукотской популяции северного оленя достоверные отклонения от равновесия Харди-Вайнберга были характерны только для трех локусов (RT9, RT27, NV21) из девяти.

Все исследованные популяции чукотской породы и дикого северного оленя характеризовались относительно высоким уровнем аллельного разнообразия с варьированием A_R от 6,124 (ADR) до 8,608 (WLN), или в среднем $7,215\pm0,598$. Это выше величин аналогичного показателя у домашних и диких северных оленей Севера Евразии, у которых они варьировали от 3,29 до 5,39, при среднем значении $4,60\pm0,17$ [9]. Среди групп животных чукотской породы наибольшее аллельное разнообразие отмечено у животных Нижнеколымского улуса и Билибинского района Чукотского автономного округа – 7,626 и 7,311 соответственно (табл. 2).

Наибольшая наблюдаемая гетерозиготность отмечена у животных чукотской породы, разводимых в с. Конергино Иультинского района ЧАО – $H_o=0,809$. Самой низкой она была у животных Анадырского района ЧАО – $H_o=0,511$, что ниже минимальных величин этого

Таблица 1. Результаты теста на соответствие генетическому равновесию по Харди-Вайнбергу

Популяция	Локус MC								
	NVHRT76	RT9	NVHRT24	RT30	RT1	RT6	RT27	NV21	RT7
ADR	*	***	***	***	ns	***	***	***	***
BIL	**	***	***	*	***	***	***	***	***
CHA	***	***	***	ns	***	***	***	**	***
ILK	***	***	***	ns	ns	***	***	***	***
ILA	***	***	***	***	***	***	***	*	***
NKL	**	***	*	***	ns	ns	***	**	ns
WCH	ns	***	ns	ns	ns	ns	**	**	ns
WLN	***	***	ns	***	ns	*	**	***	**

ns – не достоверно; * – $p<0,05$; ** – $p<0,01$; *** – $p<0,001$.

Таблица 2. Показатели аллельного и генетического разнообразия исследуемых выборок чукотской породы и популяций дикого северного оленя на основе анализа микросателлитов

Популяция	n^1	A_R	H_O	H_E	F_{IS}
ADR	100	6,124±0,676	0,511±0,071	0,587±0,072	0,134[0,048;0,22]
BIL	147	7,311±0,38	0,699±0,038	0,775±0,016	0,1[0,024;0,176]
CHA	100	6,746±0,59	0,651±0,058	0,672±0,051	0,025[-0,112;0,162]
ILK	100	7,003±0,588	0,809±0,055	0,748±0,025	-0,094[-0,266;0,078]
ILA	100	6,636±0,63	0,62±0,062	0,641±0,06	0,021[-0,09;0,132]
NKL	33	7,626±0,377	0,626±0,054	0,776±0,028	0,194[0,078;0,31]
WCH	22	7,667±0,707	0,601±0,07	0,806±0,021	0,26[0,106;0,414]
WLN	40	8,608±0,843	0,661±0,046	0,813±0,03	0,187[0,094;0,28]

¹ n – число образцов; A_R – аллельное разнообразие; H_O – наблюдаемая гетерозиготность; H_E – несмещенная ожидаемая гетерозиготность; F_{IS} – несмещенный коэффициент инбридинга с 95 %-ным доверительным интервалом.

показателя у диких оленей востока Северной Америки ($H_O = 0,620$) [17] и выше, по сравнению с домашними северными оленями Китая ($H_O = 0,325$) [14]. Кроме того, в популяции животных Анадырского района ЧАО отмечена наименьшая ожидаемая гетерозиготность ($H_E = 0,587$). В то время как во всех остальных изученных группах северного оленя она была выше 0,6 с максимум в лено-оленьской популяции дикого северного оленя из горно-таежных районов Якутии – $H_{EWCH} = 0,813$. Аналогичные высокие значения генетического разнообразия лено-оленьской популяции дикого северного оленя были отмечены при анализе полиморфизма 16 микросателлитов [9]. Авторы предположили, что популяция диких северных оленей Якутии – центр генетического разнообразия генофонда вида *Rangifer tarandus* L. в евразийской части ареала.

За исключением животных чукотской породы, разводимых на территории с. Конергино, во всех остальных группах разница между H_O и H_E была меньше нуля, что свидетельствует о дефиците гетерозигот. Положительные значения коэффициента инбридинга варьировали от 0,021 у ILA до 0,26 у WCH. Дефицит гетерозигот также был выявлен при генетической характеристике 15 региональных популяций ненецкой породы северного оленя, зона разведения которых практически полностью охватывает современный ареал породы [10].

Анализ коэффициента инбридинга показал, что область его доверительного интервала для популяций CHA, ILK и ILA перекрывает нулевое значение. Это указывает на недостоверные отклонения количества гетерозигот от теоретически ожидаемого в указанных выборках.

Ключевая особенность метода главных компонент заключается в возможности проецирования образцов на ортогональные координатные оси, каждая из которых состоит из линейной комбинации аллельных или генотипических значений (рис. 1).

Первая компонента отвечала за большую часть генетической изменчивости всего массива данных (5,808 %), четко отделяя кластер, сформированный особями Билибинского и Нижнеколымского районов и дикими популяциями, от кластера, сформированного остальными группами чукотской породы (CHA, ADR и ILA). Вторая компонента отражала 3,428 % генетической изменчивости и четко отделяла кластер ILK от всех остальных групп. Третья компонента (4,264 % генетической изменчивости) отделила кластер животных чукотской породы из Билибинского района с небольшим перекрытием массива диких популяций и группы оленей из Нижнеколымского района Якутии.

Один из наиболее часто используемых в популяционных генетических исследованиях методов – оценка индекса фиксации F_{ST} . В исследованной популяции чукотской породы, наименьшее генетическое расстояние отмечено между группами ILA и CHA (0,009), ILA и ADR

(0,035), CHA и ADR (0,035). Кроме того, незначительной генетической удаленностью характеризовались домашние и дикие северные олени, обитающие на территории Якутии – NKL и WLN (0,032), а также популяции дикого северного оленя – WCH и WLN (0,031). Наибольшие значения F_{ST} отмечены между домашними северными оленями из Анадырского района и дикой популяцией из Чукотского автономного округа – 0,205 (табл. 3).

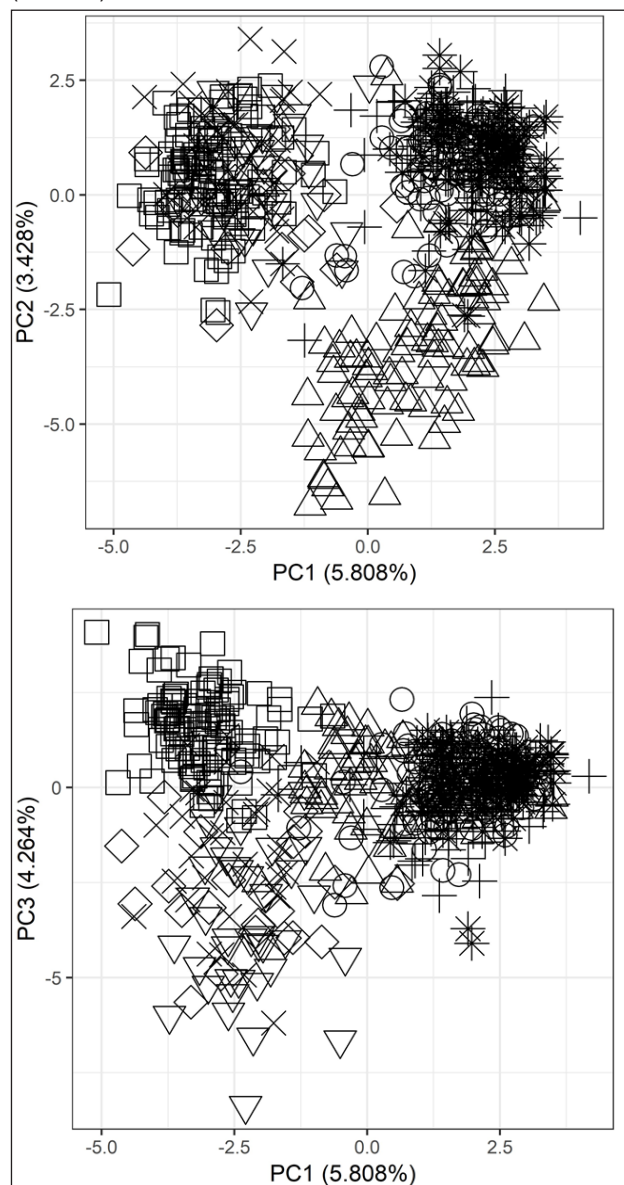


Рис. 1. Результаты PCA-анализа исследуемых образцов популяций животных чукотской породы и дикого северного оленя на основе анализа микросателлитов: * – ADR, □ – BIL, ○ – CHA, △ – ILK, + – ILA, × – NKL, ◇ – WCH, ▽ – WLN.

Таблица 3. Попарные генетические дистанции F_{ST} , вычисленные на основе анализа микросателлитов в выборках домашней популяции чукотской породы и популяций дикого северного оленя

Популяция	BIL	CHA	ILK	ILA	NKL	WCH	WLN
ADR	0,186	0,035	0,1	0,015	0,194	0,205	0,19
BIL		0,135	0,123	0,15	0,043	0,076	0,069
CHA			0,078	0,009	0,141	0,157	0,144
ILK				0,084	0,134	0,114	0,123
ILA					0,152	0,173	0,158
NKL						0,064	0,032
WCH							0,031

Анализ филогенетической дендрограммы генетических взаимоотношений между группами животных чукотской породы и популяциями дикого северного оленя, построенной на основе матрицы попарных генетических дистанций F_{ST} (рис. 2) продемонстрировал наличие двух основных кластеров. Один из них сформировали четыре выборки: домашние олени Нижнеколымского улуса Республики Саха (Якутия) и Билибинского района ЧАО и две популяции дикого северного оленя, что может быть обусловлено миграционными процессами и обменом генами между домашней и дикой популяциями, приводящим к смешению их генофонда. Выявленная генетическая близость домашних оленей Нижнеколымского улуса Республики Саха (Якутия) и Билибинского района ЧАО может быть обусловлена, как близким территориальным расположением оленеводческих хозяйств (территории выпаса стад находятся рядом), так и обменом производителями. В 2018 г. по программе оздоровления и улучшения состояния оленеводства в Нижнеколымском районе Республики Саха (Якутия) была проведена закупка бычков в Чукотском АО [12].

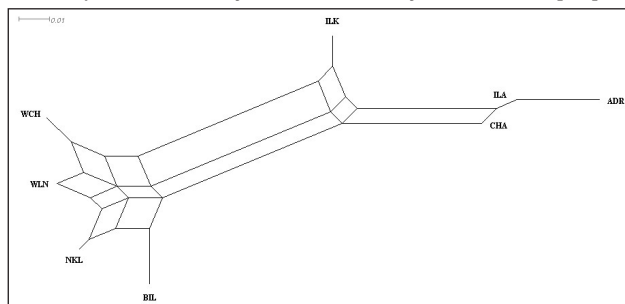


Рис. 2. Филогенетическая дендрограмма генетических взаимоотношений выборок домашней популяции чукотской породы и популяций дикого северного оленя, построенная на основе матрицы попарных генетических дистанций F_{ST} .

Выявленная генетическая близость популяций дикого северного оленя может быть обусловлена тем, что они обитают на одной территории и относятся к одной экологической форме – тундровому макроэкоотипу дикой популяции северного оленя, миграция которой охватывает обширные и общие территории тундры и тайги.

Литература

1. Стратегия развития северного оленеводства Российской Федерации до 2030 года. 2021. 76 с. URL: https://dprea.adm-nao.ru/media/uploads/userfiles/2021/05/25/%D0%9F%D1%80%D0%BE%D0%B5%D0%BA%D1%82%D1%8B_%D0%A1%D1%82%D1%80%D0%B0%D1%82%D0%B5%D0%B3%D0%B8%D0%B8_%D1%80%D0%B0%D0%B7%D0%B2%D0%B8%D1%82%D0%B8%D1%8F_%D1%81%D0%B5%D0%B2%D0%B5%D1%80%D0%BD%D0%BE%D0%B3%D0%BE_%D0%BE%D0%BB%D0%B5%D0%BD%D0%B5%D0%B2%D0%BE%D0%B4%D1%81%D1%82%D0%B2%D0%B0_%D0%A0%D0%A4_%D0%B4%D0%BE_2030_%D0%B3%D0%BE%D0%B4%D0%B0_%D0%B8_%D0%9F%D0%BB%D0%B0%D0%BD%D0%B0.pdf (дата обращения: 24.07.2023).
2. Крушанов А. И. История и культура чукчей. Историко-этнографические очерки. Л.: Наука, 1987. 288 с.
3. Грей П. А. Современное состояние оленеводства на Чукотке // Этнографическое обозрение. 2016. № 2. С. 44–56.
4. Bryzgalov G., Ignatovich L. Variability of genetic parameters of reindeer populations of the Chukchi breed in time and geographical area // Genetics and breeding of animals. 2022. No. 3. P. 25–33. doi: 10.31043/2410-2733-2022-3-25-33.
5. Брызгалов Г. Я. Оценка генетической структуры чукотской породы северных оленей // Вестник ДВО РАН. 2016. № 2. С. 108–112.
6. Brizgalov G., Ignatovich L. Selection and breeding work in northern reindeer husbandry (to change the development paradigm) // Genetics and breeding of animals. 2021. No. 4. P. 29–36. doi: 10.31043/2410-2733-2021-4-29-36.

Второй кластер сформировали обе популяции чукотской породы из Иультинского (ILK, ILA), Анадырского (ADR) и Чаунского (CHA) районов ЧАО. При этом большей генетической близостью характеризовались группы ILA, ADR и CHA, что обусловлено обменом производителями между

олeneводческими предприятиями.

Животные из с. Конергино (ILK) Иультинского района сформировали отдельную ветвь, которые, как и при анализе методом главных компонент (см. рис. 1), продемонстрировал более обособленную генетическую структуру. Их генетическая консолидированность и значительная обособленность может быть следствием отличной от других оленеводческих предприятий методологии селекционно-племенной работы, направленной на создание внутривидового типа северного оленя чукотской породы [18].

Выводы. Таким образом, на основании изучения полиморфизма 9 локусов микросателлитов, впервые получена информация о современном состоянии генетического разнообразия и генетических взаимоотношениях в популяциях чукотской породы северного оленя, разводимой в оленеводческих предприятиях различных муниципальных районов Чукотского автономного округа и Республики Саха (Якутия). В целом, исследуемые популяции чукотской породы характеризовались высоким уровнем аллельного и генетического разнообразия. Исключение составила группа животных, разводимых на территории Анадырского района ЧАО, что, вероятно, обусловлено очень низкой или нулевой миграцией новых генов в этом стаде.

Все использованные статистические методы продемонстрировали обособленную генетическую структуру группы животных из с. Конергино Иультинского района ЧАО, что связано с проводимым направленным отбором. При этом отсутствие четкой кластеризации других популяций не означает отсутствия различий, а может указывать на сходство по наибольшему источнику изменчивости.

Для более глубокого понимания генетических взаимоотношений в региональных популяциях чукотской породы, необходимы дополнительные исследования с привлечением животных чукотской породы из других регионов разведения, в частности Камчатского полуострова. Полученные результаты могут служить исходной предпосылкой для реализации программ совершенствования селекционно-племенной работы в северном оленеводстве.

7. Evolution of the methods for estimation biodiversity in reindeer (*Rangifer tarandus*) (review) / V. R. Kharzinova, T. E. Deniskova, A. A. Semyagin, et al. // *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya*. 2017. Vol. 52. No. 6. P. 1083–1093. doi: 10.15389/agrobiol.2017.6.1083eng.
8. Гермак М. В., Калко Г. В. Микросателлитный анализ для оценки дифференциации популяций ели европейской на Северо-Западе России // *Труды Санкт-Петербургского научно-исследовательского института лесного хозяйства*. 2019. № 1. С. 4–14.
9. Genetic differentiation between coexisting wild and domestic reindeer (*Rangifer tarandus* L. 1758) in Northern Eurasia / G. Svishcheva, O. Babayan, T. Sipko, et al. // *Genetic Resources*. 2022. No. 3. P. 1–4. URL: <https://www.genresj.org/index.php/grj/article/view/genresj.UYML5006> (дата обращения: 24.07.2023). doi: 10.46265/genresj.UYML5006.
10. Genetic characteristics of regional populations of Nenets reindeer breed (*Rangifer tarandus*) / T. E. Deniskova, V. R. Kharzinova, A. V. Dotsev, et al. // *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya*. 2018. Vol. 53. No. 6. P. 1152–1161. doi: 10.15389/agrobiol.2018.6.1152eng.
11. Study of the genetic diversity of domestic and wild reindeer (*Rangifer tarandus* L., 1758) populations using nuclear and mitochondrial genomic markers / O. A. Koshkina, A. D. Solovieva, T. E. Deniskova, et al. // *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya*. 2022. Vol. 57. No. 6. P. 1101–1116. doi: 10.15389/agrobiol.2022.6.1101eng.
12. Додохов В. В., Павлова Н. И., Калашникова Л. А. Полиморфизм микросателлитных локусов ДНК у оленей чукотской породы // *Аграрный научный журнал*. 2020. № 9. С. 49–53. doi: 10.28983/asj.y2020i9pp49-53.
13. Huson D. H., Bryant D. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies // *Molecular Biology and Evolution*. 2006. No. 23. P. 254–267. doi: 10.1093/molbev/msj030.
14. Analysis on genetic diversity of reindeer (*Rangifer tarandus*) in the Greater Khingan Mountains using microsatellite markers / J. C. Zhai, W. S. Liu, Y. J. Yin, et al. // *Zool. Stud*. 2017. Vol. 56. Article 11. URL: <https://zoolstud.sinica.edu.tw/Journals/56/56-11.html> (дата обращения: 24.07.2023). doi: 10.6620/ZS.2017.56-11.
15. Microsatellite DNA evidence for genetic drift and philopatry in Svalbard reindeer / S. D. Cote, J. F. Dallas, F. Marshall, et al. // *Mol. Ecol*. 2002. No. 11. P. 1923–1930. doi: 10.1046/j.1365-294X.2002.01582.x.
16. Genetic diversity estimates point to immediate efforts for conserving the endangered Tibetan sheep of India / R. Sharma, K. Brijesh, A. Reena, et al. // *Meta Gene*. 2016. Vol. 8. P. 14–20. doi: 10.1016/j.mgene.2016.01.002.
17. Significance of caribou (*Rangifer tarandus*) ecotypes from a molecular genetics viewpoint / R. Courtois, L. Bernatche, J. P. Ouellet, et al. // *Conserv. Genet*. 2003. No. 4. P. 393–404. doi: 10.1023/A:1024033500799.
18. Брызгалов Г. Я. Актуальные вопросы селекционно-племенной работы в оленеводстве Крайнего Северо-Востока России (ФГБНУ Магаданский НИИСХ). Магадан: МАОБТИ, 2022. 183 с.

References

1. *Strategiya razvitiya severnogo olenevodstva Rossiiskoi Federatsii do 2030 goda* [Strategy for the development of northern reindeer husbandry in the Russian Federation until 2030] [Internet]. 2021 [cited 2023 Jul 24]. 76 p. Available from: https://dprea.adm-nao.ru/media/uploads/userfiles/2021/05/25/%D0%9F%D1%80%D0%BE%D0%B5%D0%BA%D1%82%D1%8B_%D0%A1%D1%82%D1%80%D0%B0%D1%82%D0%B5%D0%B3%D0%B8%D0%B8_%D1%80%D0%B0%D0%B7%D0%B2_%D0%B8%D1%82%D0%B8%D1%8F_%D1%81%D0%B5%D0%B2%D0%B5%D1%80%D0%BD%D0%BE%D0%B3%D0%B_E_%D0%BE%D0%BB%D0%B5%D0%BD%D0%B5%D0%B2%D0%BE%D0%B4%D1%81%D1%82%D0%B2%D0%B0_%D0%A0%D0%A4_%D0%B4%D0%BE_2030_%D0%B3%D0%BE%D0%B4%D0%B0_%D0%B8_%D0%9F%D0%BB%D0%B0%D0%BD%D0%B0.pdf. Russian.
2. Krushanov AI. *Istoriya i kul'tura chukchei. Istoriiko-etnograficheskie ocherki* [History and culture of the Chukchi. Historical and ethnographic essays]. Leningrad (USSR): Nauka; 1987. 288 p. Russian.
3. Grei PA. [The current state of reindeer husbandry in Chukotka]. *Etnograficheskoe obozrenie*. 2016;(2):44-56. Russian.
4. Bryzgalov G, Ignatovich L. Variability of genetic parameters of reindeer populations of the Shukchi breed in time and geographical area. *Genetics and breeding of animals*. 2022;(3):25-33. doi: 10.31043/2410-2733-2022-3-25-33.
5. Bryzgalov GYa. [Assessment of the genetic structure of the Chukotka reindeer breed]. *Vestnik DVO RAN*. 2016;(2):108-12. Russian.
6. Brizgalov G, Ignatovich L. Selection and breeding work in northern reindeer husbandry (to change the development paradigm). *Genetics and breeding of animals*. 2021;(4):29-36. doi: 10.31043/2410-2733-2021-4-29-36.
7. Kharzinova VR, Deniskova TE, Semyagin AA, et al. Evolution of the methods for estimation biodiversity in reindeer (*Rangifer tarandus*) (review). *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya*. 2017;52(6):1083-93. doi: 10.15389/agrobiol.2017.6.1083eng.
8. Germak MV, Kal'ko GV. [Microsatellite analysis to assess the differentiation of Norway spruce populations in North-West Russia]. *Trudy Sankt-Peterburgskogo nauchno-issledovatel'skogo instituta lesnogo khozyaistva*. 2019;(1):4-14. Russian.
9. Svishcheva G, Babayan O, Sipko T, et al. Genetic differentiation between coexisting wild and domestic reindeer (*Rangifer tarandus* L. 1758) in Northern Eurasia. *Genetic Resources* [Internet]. 2022 [cited 2023 Jul 24];(3):1-4. Available from: <https://www.genresj.org/index.php/grj/article/view/genresj.UYML5006>. doi: 10.46265/genresj.UYML5006.
10. Deniskova TE, Kharzinova VR, Dotsev AV, et al. Genetic characteristics of regional populations of Nenets reindeer breed (*Rangifer tarandus*). *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya*. 2018;53(6):1152-61. doi: 10.15389/agrobiol.2018.6.1152eng.
11. Koshkina OA, Solovieva AD, Deniskova TE, et al. Study of the genetic diversity of domestic and wild reindeer (*Rangifer tarandus* L. 1758) populations using nuclear and mitochondrial genomic markers. *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya*. 2022;57(6):1101-16. doi: 10.15389/agrobiol.2022.6.1101eng.
12. Dodokhov VV, Pavlova NI, Kalashnikova LA. [Polymorphism of microsatellite DNA loci in Chukotka deer]. *Agrarnyi nauchnyi zhurnal*. 2020;(9):49-53. Russian. doi: 10.28983/asj.y2020i9pp49-53.
13. Huson DH, Bryant D. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Molecular Biology and Evolution*. 2006;(23):254-67. doi: 10.1093/molbev/msj030.
14. Zhai JC, Liu WS, Yin YJ, et al. Analysis on genetic diversity of reindeer (*Rangifer tarandus*) in the Greater Khingan Mountains using microsatellite markers. *Zool. Stud* [Internet]. 2017 [cited 2023 Jul 24];56: Article 11. Available from: <https://zoolstud.sinica.edu.tw/Journals/56/56-11.html>. doi: 10.6620/ZS.2017.56-11.
15. Cote SD, Dallas JF, Marshall F, et al. Microsatellite DNA evidence for genetic drift and philopatry in Svalbard reindeer. *Mol. Ecol*. 2002;(11):1923-30. doi: 10.1046/j.1365-294X.2002.01582.x.
16. Sharma R, Brijesh K, Reena A, et al. Genetic diversity estimates point to immediate efforts for conserving the endangered Tibetan sheep of India. *Meta Gene*. 2016;8:14-20. doi: 10.1016/j.mgene.2016.01.002.
17. Courtois R, Bernatche L, Ouellet JP, et al. Significance of caribou (*Rangifer tarandus*) ecotypes from a molecular genetics viewpoint. *Conserv. Genet*. 2003;(4):393-404. doi: 10.1023/A:1024033500799.
18. Bryzgalov GYa. *Aktual'nye voprosy selektsionno-plemennoi raboty v olenevodstve Krainego Severo-Vostoka Rossii* (FGBNU Magadanskii NIISKh) [Current issues of breeding work in reindeer husbandry in the Far Northeast of Russia (Magadan Research Institute of Agriculture)]. Magadan (Russia): MAOBTI; 2022. 183 p. Russian.