

Г. Я. Брызгалов, С. Б. Кустова

Генетическая характеристика популяций северных оленей племенных предприятий Чукотского автономного округа

Аннотация. Работа проведена с целью изучения генетической структуры популяций северных оленей в Чукотском автономном округе. С использованием ISSR-метода получено 11 амплифицированных фрагментов ДНК длиной от 180 до 1300 п.н. В обследованных стадах наиболее распространены ампликоны средней длины — 240–570 п.н. Чаще других в геноме оленей встречаются фрагменты № 3 (240–330), № 5 (350–430), № 6 (440–520) и № 7 (520–570). Можно предположить, что для чукотской породы спектр из 4 ампликонов является типичным. В исследованных выборках все выявленные фрагменты ДНК оказались полиморфными, представленными с разной частотой (<1). От 6 до 9 локусов (54,5–88,9%) — информативные, с частотой встречаемости 5% и более. Установлены средние показатели частот фрагментов ДНК для чукотской породы, основанные на данных о семи популяциях племенных предприятий. Среднее число аллелей на локус — 9,31 с колебаниями от 8 до 10,4. Уровень ожидаемой гетерозиготности во всех исследованных группах оленей составил 0,844–0,891, что свидетельствует о генетическом разнообразии локусов генома, обеспечивающем устойчивость популяций северных оленей. Значение полученных данных состоит в том, что они будут использованы при формировании банка ДНК для контроля и управления генетическими ресурсами оленей чукотской породы. А также для многоцелевого использования информации о генетическом разнообразии, позволяющей раскрыть генетический потенциал сельскохозяйственных популяций северного оленя.

Ключевые слова: Чукотский АО; северное оленеводство; племенное хозяйство; популяция; генетическая структура; ISSR-метод.

Авторы:

Брызгалов Георгий Яковлевич — ведущий научный сотрудник отдела фундаментальных прикладных исследований и инновационных разработок; e-mail: sxcb@maglan.ru;

Кустова Светлана Борисовна — старший научный сотрудник отдела фундаментальных прикладных исследований и инновационных разработок.

ФГБНУ «Магаданский научно-исследовательский институт сельского хозяйства»; Россия, 685000, Магадан, ул. Пролетарская, 17.

Введение. На Крайнем северо-востоке России чукотская порода северных оленей (*Rangifer tarandus* L.) наиболее многочисленная. Характеризуется рядом ценных хозяйственно полезных признаков, таких как: скороспелость, мясные качества, способность к быстрому нагулу, приспособленность к экстремальным условиям Арктики и субарктики. На начало 2019 г. в Чукотском АО насчитывалось 141912 оленей. Несмотря на принимаемые меры, численность породы в основном ареале разведения снижается, и это требует особого внимания к состоянию генофонда.

Северные олени — единственный вид сельскохозяйственных животных, использующих в качестве кормовой базы бедные растительными ре-

сурсами арктические и субарктические тундры, непригодные для выпаса других домашних животных. Олени в течение года постоянно находятся на пастбище, без дополнительного кормления, под действием хронического экологического стресса и при этом сильно уязвимы от экстремальных природных явлений. В таких условиях взаимодействие «генотип-среда» оказывает существенное влияние на реализацию генетического потенциала и продуктивность животных, которая напрямую зависит от естественных факторов [1,2].

Племенная работа в северном оленеводстве основана главным образом на массовом отборе, поэтому большинство селекционных мероприятий выполняется с использованием традиционных прие-

мов [3]. В связи с этим проводятся исследования, направленные на освоение более эффективных методов, применяемых в животноводстве и опирающихся на достижения современной генетики [4, 5, 6, 7].

Сведения о генетической структуре оленьих стад представляют практический интерес при отборе исходного материала для селекционно-племенных целей и для разработки мероприятий по поддержанию биоразнообразия животных. Исследование полиморфизма ДНК дает возможность получать информацию о генетической структуре пород, дифференцировать и идентифицировать популяции северных оленей [8]. Так, с помощью мультислокусного ДНК-фингерпринтинга выявлены генетические различия между популяциями домашних, а также диких северных оленей [9, 10]. Исследован полиморфизм ISSR-PCR-маркеров в тувинской популяции эвенкийской породы северного оленя [11]. С использованием ISSR метода создается генетический банк ДНК ненецкой породы [12]. В ряде публикаций приводятся сведения о генетической структуре чукотской породы [13, 14, 15]. Вместе с тем, генетические характеристики пород северных оленей изучены недостаточно.

Цель исследований — изучение генетической структуры популяций северных оленей племенных предприятий Чукотского АО по полиморфизму ISSR-маркеров.

Материал и методы. Исследования проводились в 2017-2018 гг. в стадах племенных оленеводческих предприятий Чукотского автономного округа — генофондном хозяйстве (ГФХ) «Возрождение», племенном репродукторе «Хатырский», филиалах по племенной работе «Айон» СХП «Ча-

унское», «Полярник» СХП «Амгуэма», «Заря» СХП «Пионер», СХП «Канчаланский» и «Ваежский». На начало 2019 года в хозяйствах насчитывалось 55132 оленя (табл. 1).

В эксперименте использовано 876 проб ткани оленей — выщипы ушной раковины. Животных отбирали случайным методом из разных половозрастных групп. Образцы консервировали этиловым спиртом. Аналитические работы выполнены в лаборатории ДНК-технологий Всероссийского НИИ племенного дела по общепринятым методикам [16, 17]. Для расчетов использовали ДНК-фрагменты длиной от 180 до 1400 п.н., ясно различимые визуально и формирующие выраженные пики при компьютерном сканировании гелей. Каждый фрагмент рассматривался как отдельный маркер, представляющий собой нуклеотидную последовательность, заключенную между двумя инвертированными микросателлитными повторами. Статистическую обработку данных проводили с помощью стандартных компьютерных программ «Genepor». По данным популяционных генных частот рассчитали среднее число аллелей на локус, число эффективных аллелей на локус, уровень теоретической, или ожидаемой гетерозиготности [18]. Степень соответствия выборочных показателей генеральным параметрам устанавливали с помощью критерия Стьюдента, во всех случаях величина $P > 0,95$ считалась статистически значимой [19].

Результаты и обсуждение. В процессе исследований получена информация о генетических характеристиках семи популяций племенных хозяйств Чукотского автономного округа (табл. 2; рис.1). В стаде генофондного хозяйства «Возрождение» выборочно обследовано 100 голов, у которых обнаружено 10 маркерных фрагментов ДНК.

Таблица 1. Оленеводческие хозяйства Чукотского АО, задействованные в эксперименте

Племенное хозяйство	Поголовье оленей	Кол-во проб	Пастбищно-географическая зона
Филиал «Ваежский»	3331	89	Анадырский район. Лесотундровые пастбища юго-западной части Чукотского АО.
Филиал «Айон»	9089	143	Чаунский район, о-в Айон. Арктические тундры, прилегающие к Чаунской губе.
ГФХ «Возрождение»	10935	100	Иультинский район. Арктические тундры юго-западной части Чукотского полуострова и восточного побережья залива Креста.
Филиал «Полярник»	11360	160	Иультинский район. Арктические тундры на северо-западе Чукотского полуострова.
Филиал «Заря»	8376	150	Иультинский район. Арктические тундры на побережье Северного ледовитого океана.
Племрепродуктор «Хатырский»	5706	74	Анадырский район. Тундровые пастбища юго-западной части Чукотского АО, побережье Берингова моря.
Филиал «Канчаланский»	6335	150	Анадырский район. Тундровые пастбища, прилегающие к Анадырскому заливу и западному побережью залива Креста.

Чаще других встречаются 6 фрагментов: 1-, 3-, 5-, 6-, 7- и 8-й, частота каждого превышает 0,1. Все они характерны для северных оленей [4, 9, 11, 12]. Анализ изменчивости фрагментов ДНК показал, что у отдельной особи имеется от 1 до 10 фрагментов, а в среднем — 6,68. Семь из 10 локусов (70%) являются информативными для исследованного стада с частотой встречаемости, превышающей 5%. Наиболее распространен в данной популяции генотип, включающий локусы 1, 3, 5, 6, 7, 8 (встречаемость 30%). Частота генотипа 1/3/4/5/6/7/8 составляет 25% исследованной выборки. Около 6% оленей имеют уникальные генотипы.

При исследовании оленей племенного репродуктора «Хатырский» установлено, что все локусы ДНК полиморфные, частота встречаемости каждого меньше 1. Наибольшее распространение имеют межмикросателлитные участки ДНК средней длины. В выборке численностью 74 особи выявлено 480 фрагментов ДНК. В данной популяции встречается 11 маркерных фрагментов ДНК, чаще других 4 фрагмента — 3-, 5-, 6-, 7-й, частота каждого превышает 0,1. Изучение изменчивости фрагментов ДНК показало, что у отдельной особи присутствует от 1 до 10 фрагментов, а среднее число у одного животного 6,49. Для данного

стада 9 локусов из 11 (81,8%) являются информативными. Наиболее распространены в Хатырской популяции генотипы, имеющие в своем составе локусы 3,5,6,7 и 8, распределение генотипов равномерное. Около 50% особей имеют уникальные генотипы.

В выборке, состоящей из 160 оленей филиала «Полярник», выявлено 1057 фрагментов ДНК. В изученной популяции обнаружено 9 маркерных фрагментов ДНК. Наиболее часто встречаются 6 фрагментов — 1-, 2-, 3-, 5-, 6-, 7-й, частота каждого из них от 0,113 до 0,150 (табл. 2, рис.1). У отдельной особи — от 1 до 9 фрагментов ДНК, а в среднем у каждого животного 6,61. Из 9 локусов 8 (88,9%) являются информативными для исследованного стада. Наиболее распространенные среди оленей филиала «Полярник» генотипы, имеющие в своем составе локусы 1,2,3,5,6,7 (19% особей). Распределение генотипов равномерное.

В результате анализа 150 образцов ткани оленей филиала «Заря» обнаружено 1099 фрагментов межмикросателлитной ДНК. В изученной популяции выявлено 11 маркерных фрагментов ДНК. Чаще других встречается 5 фрагментов — 3-, 5-, 6-, 7-, 9-й, типичных для северных оленей (табл. 2, рис.1). У каждой особи имеется от 3 до

Таблица 2. Частота встречаемости ISSR-маркеров в популяциях северных оленей чукотской породы (M±m)

№ фрагмента	Длина фрагмента, п.н.*	Популяция						
		Ваежская n=89	Хатырская n=74	Айон n=143	Возрождение n=100	Канчаланская n=160	Полярник n=160	Заря n=150
1	180-210	0,034 ±0,019	0,052 ±0,025	0,140 ±0,029	0,147 ±0,035	0,041 ±0,015	0,118 ±0,025	0,008 ±0,007
2	220-230	0,065 ±0,026	0,062 ±0,028	0,033 ±0,014	0,024 ±0,015	0,101 ±0,023	0,113 ±0,025	0,083 ±0,022
3	240-330	0,149 ±0,037	0,150 ±0,041	0,213 ±0,034	0,142 ±0,034	0,142 ±0,027	0,150 ±0,028	0,131 ±0,027
4	330-350	0,043 ±0,021	0,046 ±0,024	0,125 ±0,027	0,075 ±0,026	0,031 ±0,013	0,046 ±0,016	0,055 ±0,018
5	350-430	0,129 ±0,035	0,150 ±0,041	0,203 ±0,033	0,150 ±0,035	0,142 ±0,027	0,144 ±0,027	0,131 ±0,027
6	440-520	0,151 ±0,037	0,150 ±0,041	0,148 ±0,029	0,148 ±0,035	0,142 ±0,027	0,141 ±0,027	0,136 ±0,028
7	520-570	0,117 ±0,023	0,142 ±0,040	0,103 ±0,025	0,141 ±0,034	0,142 ±0,027	0,141 ±0,027	0,136 ±0,028
8	650-690	0,062 ±0,025	0,092 ±0,033	0,024 ±0,012	0,136 ±0,034	0,058 ±0,018	0,061 ±0,018	0,079 ±0,022
9	700-770	0,097 ±0,031	0,054 ±0,026	0,000 ±0,000	0,036 ±0,018	0,141 ±0,027	0,085 ±0,022	0,131 ±0,027
10	850-980	0,101 ±0,032	0,017 ±0,015	0,007 ±0,006	0,001 ±0,003	0,062 ±0,019	0	0,088 ±0,023
11	1100-1300	0,052 ±0,023	0,085 ±0,032	0,004 ±0,005	0	0	0	0,020 ±0,011

*пар нуклеотидов

11 фрагментов ДНК, а в среднем у одного животного — 7,33. Из 11 локусов 9 (81,8%) — информативные. Наиболее распространены в филиале «Заря» генотипы, имеющие в своем составе локусы 3,5,6,7,9 (7%). Распределение генотипов равномерное.

В Ваежской популяции у каждого животного выявлено от 1 до 9 фрагментов ДНК, а в среднем у одной особи — 6,02. В данной выборке обнаружено 11 маркерных фрагментов ДНК, среди которых наиболее часто встречается 5 фрагментов — 3-, 5-, 6-, 7- и 10-й, их суммарная частота составила 0,647 (табл. 2, рис. 1). Все выявленные фрагменты полиморфны. Наибольшее распространение имеют участки ДНК средней длины. Из 11 локусов 9 (81,8%) являются информативными для исследованного стада. Наиболее распространены в Ваежской популяции генотипы, имеющие в своем составе локусы 3, 5, 6, 7, 9 и 10. Распределение генотипов равномерное, одинаковые генотипы встречаются не более, чем у 3–4-х особей. Около 50% животных имеют уникальные генотипы.

В популяции оленей о-ва Айон у каждой особи встречается от 1 до 8 фрагментов ДНК, а в среднем у одного животного — 4,69. В данной выборке все обнаруженные локусы ДНК также являются полиморфными. Наибольшее распространение имеют межмикросателлитные участки ДНК средней длины (табл. 2, рис. 1). В изученной популяции чаще других встречается 6 фрагментов ДНК — 1, 3, 4, 5, 6 и 7-й, суммарная частота которых со-

ставляла 0,932. Из 11 локусов 6 (54,5%) являются информативными для изученного стада. Самые распространенные в популяции оленей о-ва Айон генотипы, имеющие в своем составе локусы 1, 3, 4, 5, 6 и 7, распределение которых равномерное. Около 10% животных данной выборки представляют собой уникальные генотипы.

Исследование оленей Канчаланской популяции показало, что у каждой особи имеется от 1 до 10 фрагментов ДНК, а в среднем у одного животного — 7,06. Из 10 локусов для данного стада 8 (80%) являются информативными. Самые распространенные в Канчаланской популяции генотипы, включающие локусы 2, 3, 5, 6, 7 и 9 (14% особей). Распределение генотипов равномерное.

Имеющаяся информация о частотах ISSR-маркеров по выявленным локусам межмикросателлитов позволяет установить средние показатели по чукотской породе, основанные на данных о семи популяциях племенных хозяйств Чукотки, обследованных к настоящему времени (табл. 3).

Среднее число аллелей на локус микросателлитов (μ_i), отражающее внутривидовое разнообразие, в целом по чукотской породе оказалось равным 9,31. Наиболее высокие значения показателя в изученных выборках установлены у Ваежских ($\mu_1=10,4$) и Хатырских ($\mu_2=10,16$) оленей, а также особей Зари ($\mu_3=9,95$) и Канчаланских ($\mu_4=9,41$), статистически достоверно превышающие популяции о-ва Айон ($\mu_5=8,0$), «Воз-

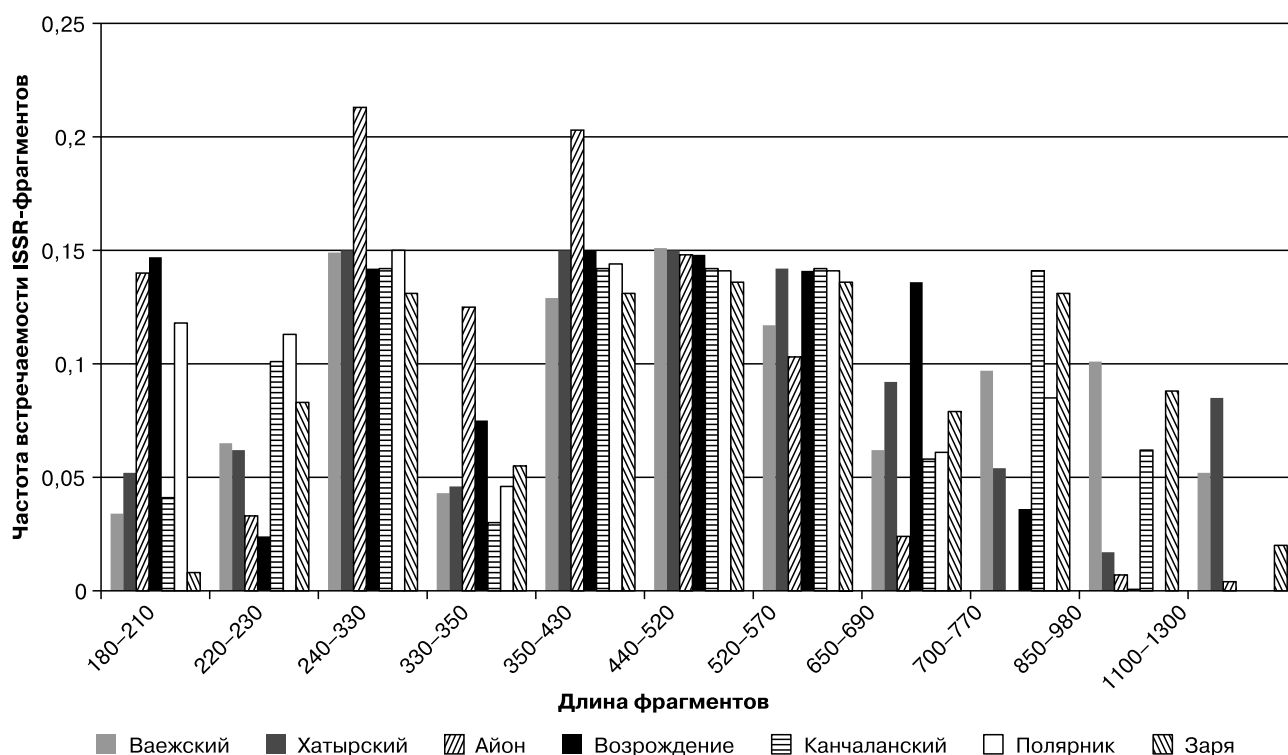


Рис. 1. Графическое отображение частот ISSR-фрагментов ДНК северных оленей чукотской породы

рождения» ($\mu_6=8,56$), «Полярника» ($\mu_7=8,71$). Подобная закономерность наблюдается и по числу эффективных аллелей (табл. 4).

Уровень теоретической, или ожидаемой гетерозиготности служит показателем аллельного разнообразия популяций. В обследованных стадах чукотской породы данный генетический параметр оказался достаточно высоким. При сравнении установлено, что северные олени Чукотки превосходят по показателю гетерозиготности оленей ненецкой породы, Тувы, Гренландии и карибу [4, 8, 10, 11]. Значительная гетерогенность является результатом систематического обмена племенным материалом между стадами и хозяйствами. Для обогащения генофонда, интродукции новых генов было куплено 1225 оленей неродственных экотипов чукотской породы в Камчатском крае и Якутии (Саха). В целях профилактики родственного разведения и инбредной депрессии в Чукотском АО проводятся ежегодные плановые обмены бычками между стадами и хозяйствами. Значительный уровень гетерозиготности дает преимущество животным по адаптивным признакам и обеспечивает устойчивость популяции [20, 21, 22].

Выводы. Для изученных популяций чукотской породы можно считать характерным полиморфность всех обнаруженных локусов, поскольку

они представлены с разной частотой, меньшей 1. Наибольшее распространение имеют межмикросателлитные участки ДНК средней длины, а именно локусы 3, 5, 6 и 7 с частотой, превышающей 0,1 (0,131–0,213). В популяциях оленей информативными являются от 6 до 9 локусов (54,5–88,9%), частота каждого из которых 5% и более. В данных выборках чаще других встречаются генотипы, имеющие в своем составе фрагменты ДНК длиной 240–330, 350–430, 440–520 и 520–570 п.н. Генетическая изменчивость ISSR-маркеров в изученных популяциях свидетельствует о значительном сходстве между ними по большинству аллельных частот, что подтверждает общность происхождения, хозяйственного и племенного использования оленей чукотской породы.

Практическая значимость полученных данных состоит в том, что они будут использованы при формировании генетического банка ДНК в целях контроля и управления генетическими ресурсами оленей чукотской породы. А также для многоцелевого использования генетической информации, позволяющей раскрыть потенциал сельскохозяйственных популяций северного оленя. Поэтому необходимо следить за сохранением уровня генетического разнообразия, обеспечивающего устойчивое поддержание популяции.

Таблица 3. Показатели частот ISSR-фрагментов ДНК северных оленей чукотской породы (n= 876)

№ фрагмента	Длина фрагмента, п.н.	Lim	Среднее значение $M \pm m$	Доверительные границы генеральной средней, $M \pm tm$
1	180–210	0,008–0,147	0,077 $\pm$ 0,009	0,059–0,095
2	220–230	0,033–0,113	0,069 $\pm$ 0,008	0,053–0,085
3	240–330	0,131–0,213	0,154 $\pm$ 0,012	0,130–0,178
4	330–350	0,031–0,125	0,060 $\pm$ 0,008	0,044–0,076
5	350–430	0,129–0,203	0,150 $\pm$ 0,012	0,126–0,174
6	440–520	0,136–0,151	0,145 $\pm$ 0,011	0,123–0,167
7	520–570	0,103–0,142	0,132 $\pm$ 0,011	0,110–0,154
8	650–690	0,024–0,136	0,073 $\pm$ 0,008	0,057–0,089
9	700–770	0,000–0,141	0,078 $\pm$ 0,009	0,06–0,096
10	850–980	0–0,101	0,039 $\pm$ 0,006	0,027–0,051
11	1100–1300	0–0,085	0,023 $\pm$ 0,005	0,013–0,033

Таблица 4. Показатели генетической структуры оленей чукотской породы

Показатель	Популяция						
	Ваежская n=89	Айон n=143	Возрождение n=100	Полярник n=160	Заря n=150	Канчаланская n=160	Хатырская n=74
Среднее число аллелей на локус	10,4 $\pm$ 0,26	8,0 $\pm$ 0,41	8,56 $\pm$ 0,351	8,71 $\pm$ 0,125	9,95 $\pm$ 0,263	9,41 $\pm$ 0,186	10,16 $\pm$ 0,339
Число эффективных аллелей	9,25 $\pm$ 0,426	6,41 $\pm$ 0,453	7,57 $\pm$ 0,428	8,13 $\pm$ 0,210	8,85 $\pm$ 0,356	8,33 $\pm$ 0,294	8,68 $\pm$ 0,52
Гетерозиготность ожидаемая	0,891 $\pm$ 0,033	0,844 $\pm$ 0,030	0,868 $\pm$ 0,033	0,877 $\pm$ 0,026	0,887 $\pm$ 0,025	0,880 $\pm$ 0,025	0,885 $\pm$ 0,037

Литература

1. Подкорытов Ф. М. Северное оленеводство / Ф. М. Подкорытов, В. А. Забродин, Э. К. Бороздин [и др.]. М.: Аграрная Россия, 2004. 450 с.
2. Южаков А. А. Ненецкая аборигенная порода северных оленей. Салехард, ГУП ЯНАО: Изд-во «Красный Север», 2006. 150 с.
3. Мухачев А. Д. Племенная работа в северном оленеводстве: Метод. рекомендации / ВАСХНИЛ. Сиб. отд-ние. НИИСХ Крайнего Севера. Новосибирск, 1988. 120 с.
4. Романенко Т. М. Генетическая структура популяции северных оленей о. Колгуев Ненецкого автономного округа / Т. М. Романенко, Л. А. Калашникова, Г. И. Филиппова [и др.] // Достижения науки и техники АПК. — 2014. — № 4. — С. 68–70.
5. Крутикова А. А. Перспективные гены для улучшения показателей мясной продуктивности в оленеводстве (обзор) / А. А. Крутикова, Н. В. Дементьева, О. В. Митрофанова // Генетика и разведение животных. — 2017. — № 1. — С. 31–35.
6. VanRaden P. M., Sullivan P. G. International genomic evaluation methods for dairy cattle / P. M. VanRaden, P. G. Sullivan // Genet Sel Evol. — 2010. — V. 42. — № 1. — P. 7–15.
7. Porto-Neto L. R. The extent of linkage disequilibrium in beef cattle breeds using high-density SNP genotypes / L. R. Porto-Neto, J. W. Kijas, A. Reverter // Genet Sel Evol. — 2014. — V. 46. — P. 22–26. doi:10.1186/1297-9686-46-22.
8. Cronin M. A. Genetic variation in caribou and reindeer (*Rangifer tarandus*) / M. A. Cronin, J. C. Patton, N. Balmsheva, M. D. Macneil // Animal Genetics. — 2003. — V. 34. — № 1. — P. 33–41. doi: 10.1046/j.1365-2052.2003.00927.x
9. Гончаров В. В. Оценка генетического разнообразия северного оленя (*Rangifer tarandus* L.) с помощью мультилокусного ДНК-фингерпринтинга / В. В. Гончаров, О. В. Митрофанова, Н. В. Дементьева [и др.] // Докл. РАСХН. — 2011. — № 5. — С. 36–39.
10. Cronin M. A. Mitochondrial DNA and microsatellite DNA variation in domestic reindeer (*Rangifer tarandus tarandus*) and relationships with wild caribou (*Rangifer tarandus granti*, *Rangifer tarandus groenlandicus*, and *Rangifer tarandus caribou*) / M. A. Cronin, M. D. Macneil, J. C. Patton // J. Heridity. — 2006. — V. 97. — № 5. — P. 525–530.
11. Кол Н. В. Полиморфизм ISSR-PCR-маркеров в тувинской популяции северного оленя (*Rangifer tarandus* L.) / Н. В. Кол, О. Е. Лазебный // Генетика. — 2006. — Т. 42. — № 12. — С. 1731–1734.
12. Романенко Т. М. Генетический банк ДНК сельскохозяйственных популяций домашних северных оленей. [Электронный ресурс] / Т. М. Романенко, Г. И. Филиппова // Современные научные исследования и инновации. 2016. № 12. URL: <http://web.snauka.ru/issues/2016/12/74516> (дата обращения: 03.04.2019).
13. Брызгалов Г. Я. Оценка полиморфизма северных оленей чукотской породы по ISSR-межмикросателлитам ДНК // Агропромышленный комплекс: состояние, проблемы, перспективы: сб. статей XI Междунар. науч.-практ. конференции. МНИЦ ПГСХА. Пенза: РИО ПГСХА, 2015, С. 15–18.
14. Брызгалов Г. Я. Оценка генетической структуры чукотской породы северных оленей / Г. Я. Брызгалов // Вестник ДВО РАН. — 2016. — № 2 (186). — С. 108–112.
15. Брызгалов Г. Я. Использование молекулярно-генетических методов в селекционно-племенной работе с северными оленями чукотской породы (*Rangifer tarandus* L.) / Г. Я. Брызгалов // Теоретические и прикладные проблемы АПК. — 2018. — № 1(34). — С. 26–32.
16. Зиновьева Н. А., Попов А. Н., Эрнст Л. К. Методические рекомендации по использованию метода полимеразной цепной реакции в животноводстве. Дубровицы: ВИЖ, 1998. 47 с.
17. Zietkiewicz E. Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification / E. Zietkiewicz, A. Rafalski, D. Labuda // Genomics. — 1994. — № 20. — P. 176–183.
18. Животовский Л. А. Статистические методы анализа частот генов в природных популяциях. Итоги науки и техники: Общая генетика. М.: 1983. № 86. С. 76–104.
19. Меркурьева Е. К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных. М.: Колос, 1970. 423 с.
20. Фальконер Д. С. Введение в генетику количественных признаков / Пер. с англ. Креславского А. Г. и Черданцева В. Г. — М.: ВО «Агропромиздат», 1985. 486 с.
21. Шубин П. Н., Ефимцева Э. А. Биохимическая и популяционная генетика северного оленя. Л.: Наука, 1988. 103 с.
22. Бороздин Э. К., Мухачев А. Д., Савадерева Л. Ф. Проблемы генетики в северном оленеводстве: Совершенствование технологии и повышение экономической эффективности северного оленеводства / ВАСХНИЛ. Сиб. отд-ние. МЗНИИСХСВ. Новосибирск, 1989. С. 45–49.

Brizgalov G., Kustova S.

Genetic characteristics of reindeer husbandry populations in pedigree farms of Chukchee autonomous district

Abstract. *The aim of research is estimation of genetic structure of reindeer husbandry populations in pedigree farms of Chukchee autonomous district. The genetic structure of chukchee reindeer breed has been studied by using ISSR-method on polymorphism DNA microsatellite sequence. It is found 11 amplified fragments of DNA length from 180 to 1300 b.p. In this selection most frequent fragments have middle length — 240–570 b.p. In reindeer genomes most frequent fragments are No. 3 (240–330 b.p.), No. 5 (350–430), No. 6 (440–520), No. 7 (520–570). It is probably, spectrum of allele frequencies from 4 fragments is typical for chukchee reindeer breed. In this selection all fragments of DNA are polymorphous, their frequencies is less 1. From 11 locus 6–9 (54.5–88.9%) are informative, have frequencies more than 5%. It is established, middle frequent fragments of DNA for chukchee reindeer breed by dates of 7 reindeer husbandry populations. Middle quantity of alleles on locus microsatellite is equaled 9.31 (from 8 to 10.4). Analysis of the data revealed the presence of a high level of heterozygosity DNA — 0.844–0.891. The significance of the data obtained is that they will be used in the formation of the DNA bank for the control and management of the genetic resources of the chukchee reindeer breed.*

Key words: Chukchee autonomous district; reindeer husbandry; breeding farm; population; genetic structure; ISSR-method.

Authors:

Brizgalov G. — Leading Researcher of the Dept. of Fundamental Applied Studies and Innovative Researches, e-mail: agrarian@maglan.ru.

Kustova S. — Senior Researcher of the Dept. of Fundamental Applied Studies and Innovative Researches.

The Federal State Budgetary Scientific Institution Magadan Agricultural Research Institute, Russia 685000, Magadan, Proletarskaya street, 17.

References

1. Podkorytov F. M. Northern Reindeer Herding / F. M. Podkorytov, V. A. Zabrodin, E. K. Borozdin [et al.]. M.: Agrarian Russia, 2004. 450 p.
2. Yuzhakov A. A. Nenets native breed of reindeer. Salekhard, State Unitary Enterprise Yamal-Nenets Autonomous Okrug: Red North Publishing House, 2006. 150 p.
3. Mukhachev A. D. Tribal work in reindeer herding: Method. recommendations / BASIL. Sib. Separation. NIISH Far North. Novosibirsk, 1988. 120 p.
4. Romanenko T. M. Genetic structure of the reindeer population about. Kolguyev of the Nenets Autonomous Okrug / T. M. Romanenko, L. A. Kalashnikova, G. I. Filippova [et al.] // Achievements of science and technology of the agro-industrial complex. — 2014. — №. 4. — P. 68–70.
5. Krutikova A. A. Promising genes for improving indicators of meat productivity in reindeer husbandry (review) / A. A. Krutikova, N. V. Dementieva, O. V. Mitrofanova // Genetics and animal breeding. — 2017. — № 1. — P. 31–35.
6. VanRaden P. M., Sullivan P. G. International genomic evaluation methods for dairy cattle / P. M. VanRaden, P. G. Sullivan // Genet Sel Evol. — 2010. — V. 42. — № 1. — P. 7–15.
7. Porto-Neto L. R. The extent of linkage disequilibrium in beef cattle breeds using high density SNP genotypes / L. R. Porto-Neto, J. W. Kijas, A. Reverter // Genet Sel Evol. — 2014. — V. 46. — P. 22–26. doi: 10.1186 / 1297-9686-46-22.
8. Cronin M. A. Genetic variation in caribou and reindeer (*Rangifer tarandus*) / M. A. Cronin, J. C. Patton, N. Balmysheva, M. D. Macneil // Animal Genetics. — 2003. — V. 34. — №1. — P. 33–41. doi: 10.1046 / j.1365-2052.2003.00927.x
9. Goncharov V. V. Assessment of the genetic diversity of the reindeer (*Rangifer tarandus* L.) using multi-locus DNA fingerprinting / V. V. Goncharov, O. V. Mitrofanova, N. V. Dementieva [et al.] // Dokl. RAAS. — 2011. — № 5. — P. 36–39.

10. Cronin M. A. Mitochondrial DNA and microsatellite DNA variation in domestic reindeer (*Rangifer tarandus tarandus*) and relationships with wild caribou (*Rangifer tarandus granti*, *Rangifer tarandus groenlandicus*, and *Rangifer tarandus caribou*) / M. A. Cronin, M. D. Macneil, J. C. Patton // *J. Heredity*. — 2006. — V. 97. — № 5. — P. 525–530.
11. Kol N. V. Polymorphism of ISSR-PCR markers in the Tuva population of reindeer (*Rangifer tarandus L.*) / N. V. Kol, O. E. Lazebny // *Genetics*. — 2006. — V. 42. — №12. — P. 1731–1734.
12. Romanenko T. M. Genetic DNA bank of agricultural populations of domestic reindeer. [Electronic resource] / T. M. Romanenko, G. I. Filippova // *Modern scientific research and innovation*. — 2016. — №12. URL: <http://web.snauka.ru/issues/2016/12/74516> (accessed 04.04.2019).
13. Bryzgalov G. Ya. Assessment of polymorphism of reindeer of the Chukchi breed based on ISSR-intermicrosatellite DNA // *Agroindustrial complex: state, problems, prospects: Sat. Articles XI Int. scientific-practical conferences. ISA PPSA. Penza: RIO IFSCXA, 2015*, P. 15-18.
14. Bryzgalov G. Ya. Assessment of the genetic structure of the Chukchi reindeer breed / G. Ya. Bryzgalov // *Vestnik FEB RAS*. — 2016. — № 2 (186). — P. 108-112.
15. Bryzgalov G. Ya. Use of molecular genetic methods in breeding and breeding with reindeer of the Chukchi breed (*Rangifer tarandus L.*) / G. Ya. Bryzgalov // *Theoretical and applied problems of agro-industrial complex*. — 2018. — № 1 (34). — P. 26–32.
16. Zinovieva N. A., Popov A. N., Ernst L. K. Methodological recommendations on the use of the polymerase chain reaction method in animal husbandry. *Dubrovitsy: VIZH, 1998*, 47 p.
17. Zietkiewicz E. Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification / E. Zietkiewicz, A. Rafalski, D. Labuda // *Genomics*. — 1994. — № 20. — P. 176–183.
18. Zhivotovsky L. A. Statistical methods for analyzing gene frequencies in natural populations. *Results of science and technology: General genetics. M.: 1983. №. 86. P. 76–104.*
19. Merkuriev E. K. *Biometry in the selection and genetics of farm animals. M.: Kolos, 1970. 442 p.*
20. Falconer D. S. *Introduction to the genetics of quantitative traits / Per. from English Kreslavsky A. G. and Cherdantsev V. G. — M.: IN «Agropromizdat», 1985. 486 p.*
21. Shubin P. N., Efimtseva E. A. *Biochemical and population genetics of the reindeer. L.: Nauka, 1988. 103 p.*
22. Borozdin E. K., Mukhachev A. D., Savaderova L. F. Problems of genetics in reindeer herding: Improving technology and increasing the economic efficiency of reindeer herding / VASKHNIL. Sib. Separation. MZNIISHSV. Novosibirsk, 1989. P. 45–49.