

Г. Я. Брызгалов, Л. С. Игнатович

Подход к оценке связи микросателлитных локусов геномной ДНК и продуктивных качеств северных оленей чукотской породы

Аннотация. Проведено исследование корреляций частот ISSR-маркеров ДНК и живой массы северных оленей. Поскольку в популяциях чукотской породы спектр из 4 ампликонов с размерами фрагмента 240–330 п.о., 350–430 п.о., 440–520 п.о. и 520–570 п.о. встречается наиболее часто, можно считать его характерным для данной группы северных оленей. Изменчивость частот ISSR-маркеров в популяциях свидетельствует о сходстве между ними по большинству аллельных частот. Это подтверждает общность происхождения, хозяйственного и племенного использования оленей чукотской породы. Методом дисперсионного анализа установлено достоверное влияние фактора «хозяйство» (экология + хозяйственные условия) на частоту встречаемости фрагмента ДНК со средней величиной силы влияния $\eta_x^2 = 65,9\%$. Корреляционное отношение $\eta_x = 0,811$ подтверждает наличие существенной зависимости между признаками. Для локусов № 3 (240–330 п.о.), № 4 (330–350 п.о.), № 5 (350–430 п.о.) характерна обратная по направлению и умеренная по силе связь с живой массой; среднее значение коэффициента корреляции для этих локусов равно: $r_3 = -0,603$; $r_4 = -0,648$ и $r_5 = -0,646$. По локусам № 6 (440–520 п.о.), № 7 (520–570 п.о.) и № 8 (650–690 п.о.), напротив, обнаружена прямая по действию и средняя по величине зависимость; по данным локусам коэффициенты корреляции в среднем составили $r_6 = 0,266$; $r_7 = 0,597$ и $r_8 = 0,559$. Полученные данные позволяют выявить направления корреляционной сопряженности ISSR-маркеров и живой массы, уменьшить пространство поиска генов, полиморфизм которых ассоциирован с изменчивостью живой массы в популяциях чукотской породы.

Ключевые слова: северный олень; чукотская порода; геномная ДНК; микросателлиты; живая масса; коэффициент корреляции.

Авторы:

Брызгалов Георгий Яковлевич — ведущий научный сотрудник; e-mail: agrarian@maglan.ru;

Игнатович Лариса Сергеевна — научный сотрудник отдела; e-mail: agrarian@maglan.ru.

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

Введение. Северный олень (*Rangifer tarandus* L.) как объект разведения сохраняет свое экономическое и социальное значение в циркумполярных регионах России. На Крайнем северо-востоке России наиболее многочисленной является чукотская порода. Порода характеризуется рядом ценных биологических и хозяйственно полезных признаков, таких как скороспелость, ранний отел, способность к быстрому нагулу в короткий летне-осенний период, мясные качества, приспособленность к условиям Арктики [1, 2].

Из-за специфики содержания селекционно-племенная работа с северными оленями до настоящего времени ведется с помощью традиционных приемов, основанных на массовом отборе по фенотипу [3, 4]. В целях ее совершенствования актуальны исследования, направленные на освоение более эффективных методов, применяемых в животноводстве и опирающиеся на достижения молекулярной генетики [5, 6]. В частности, перспек-

тивны поиск и использование в селекции маркеров геномной ДНК, ассоциированных с локусами количественных признаков (QTL). Это позволяет идентифицировать генотипы с желательными продуктивными признаками в раннем возрасте и ускорить селекционный процесс [7, 8, 9, 10]. В северном оленеводстве такой подход находится на начальных стадиях [11].

Полиморфизм ДНК дает возможность исследовать генетическую структуру, дифференцировать породы и популяции северных оленей. Особое место благодаря высокой информативности, скорости анализа и низкой стоимости занимает молекулярный мультилокусный или ISSR-анализ. Он позволяет использовать любые ткани и органы, независимо от стадии онтогенеза животного [12, 13, 14].

В целях выявления маркеров геномной ДНК, ассоциированных с локусами количественных признаков (QTL), проведено исследование корреля-

ций частот ISSR-маркеров и живой массы у северных оленей чукотской породы. Изучение зависимости между полиморфизмом ISSR-маркеров и продуктивными качествами оленей чукотской породы ранее не проводилось.

Материалы и методы исследований. Научно-исследовательская работа выполнена в 2018–2019 гг. на поголовье оленей сельхозпредприятий, расположенных в различных пастбищно-географических районах Чукотского автономного округа (табл. 1).

Материалом для исследований служили образцы ткани (фрагменты мышц, ушной выщип) оленей разных половозрастных групп. Пробы отбирали случайным методом, от клинически здоровых животных во время коральных работ и планового убоя на мясо. В молекулярно-генетических исследованиях использовано 876 проб ткани оленей.

Анализы образцов (по договору с организацией) выполнены в лаборатории ДНК-технологий Всероссийского НИИ племенного дела с использованием ISSR-PCR-метода по праймеру (AG)₉C.

Выделение ДНК и постановку ПЦР осуществляли в соответствии с общепринятыми рекомендациями [15, 16].

Для расчетов использовали фрагменты ДНК длиной от 180 до 1400 п.о., ясно различимые визуально и формирующие выраженные пики при компьютерном сканировании гелей. Каждый ампликон рассматривался как отдельный маркер, представляющий собой нуклеотидную последовательность, заключенную между двумя инвертированными микросателлитными повторами. Статистическую обработку полученных данных проводили с помощью общепринятых методов [17, 18].

Для выявления связи между частотами полиморфных микросателлитных локусов и живой массой оленя определяли соответствующие коэффициенты корреляции. Чтобы нивелировать флуктуации живой массы, использовали средние показатели за 4 года по результатам планового убоя оленей на мясо в IV квартале. Взяты данные по взрослым животным — важенкам, быкам и молодняку — 5–6 мес. Выборочные совокупности измерялись многими сотнями и даже тысячами голов.

В качестве аргумента (x) принят признак «частота встречаемости ISSR-маркера в популяции», в качестве функции (y) признак — «средняя живая масса половозрастной группы оленей в популяции». При этом использовали специфичные для чукотской породы локусы средней длины — 240...570 п.о. Для расчетов применили формулу коэффициента корреляции Пирсона, которая дает достаточно точные результаты как на больших, так и на малых выборках. Влияние (η^2_x) «хозяйства» (экологические + хозяйственные условия) на частоту ISSR-маркеров в популяциях чукотской породы определялось с помощью дисперсионного анализа однофакторного статистического комплекса [19].

Результаты и обсуждение. Данные изменчивости фрагментов ДНК по выявленным локусам микросателлитов представлены в таблице 2.

Сравнительный анализ частот ISSR-маркеров выборочных совокупностей показал, что популяционно-генетические параметры чукотской породы являются характерными для северных оленей (*Rangifer tarandus*) [20, 21, 22].

Для изученного массива чукотской породы характерна полиморфность всех обнаруженных локусов микросателлитов, поскольку они представ-

Таблица 1. Оленеводческие хозяйства Чукотки в эксперименте

Хозяйство (обозначение)	Поголовье оленей	Объем выборки	Местонахождение и пастбищно-географическая зона
Ваежский (VAE)	1890	89	Анадырский район. Лесотундра западной части Чукотского АО.
Хатырский (HTR)	5017	74	Анадырский район. Тундровые пастбища на юго-западе Чукотки, побережье Берингова моря.
Пионер (PNR)	18081	150	Иультинский район. Арктические тундры побережья Северного ледовитого океана, прилегающие к Чукотскому морю.
Канчаланский (KAN)	14969	160	Анадырский район. Арктические тундры, расположенные между заливом Креста и Анадырским заливом.
Амгуэма (AMG)	16608	160	Иультинский район. Арктические тундры на северо-западе Чукотского полуострова.
Возрождение (VZR)	8876	100	Иультинский район. Арктические тундры юго-западной части Чукотского полуострова и восточного побережья залива Креста.
Чаунское (CHN)	24393	143	Чаунский район. Арктические тундры побережья Восточно-сибирского моря, остров Айон.

лены с разной частотой, меньшей 1. В связи с тем, что отдельные фрагменты ДНК встречаются у особей всех популяций наиболее часто (от 0,103 до 0,213), можно предположить, что для оленей чукотской породы спектр из 4 ампликонов средней длины — № 3 (240–330 п.о.), № 5 (350–430), № 6 (440–520) и № 7 (520–570) — является специфичным. Изменчивость ISSR-маркеров в популяциях свидетельствует о сходстве между ними по большинству аллельных частот, что подтверждает общность происхождения, хозяйственного и племенного использования оленей чукотской породы.

Исследована зависимость частот ISSR-маркеров ДНК от комплекса экзогенных факторов, номинированных нами как «хозяйство». Действующий фактор «хозяйство» включает компоненты природных комплексов пастбищной территории (география, климат, флора, химический состав почв и растений, кормовые ресурсы), систему содержания и выпаса оленей, состояние зоотехнической и селекционно-племенной работы, ветеринарной профилактики, производственный и организационный уровень хозяйства и др. Для этих

целей использован дисперсионный анализ однофакторного статистического комплекса (табл. 3).

Из данных таблицы следует, что величина $F_{\text{эмп}}=12,8$ превышает уровень теоретического значения $F_{\text{табл}}=3,5$ ($P \leq 0,001$), т.е. выходит за пределы случайных отклонений. Анализ полученных результатов позволяет отбросить нулевую гипотезу и признать достоверное воздействие фактора «хозяйство» на частоту встречаемости фрагмента ДНК со средней величиной силы влияния $\eta^2=65,9\%$. Корреляционное отношение $\eta_x=0,812$ подтверждает наличие существенной зависимости между признаками.

Ассоциировать полиморфизм микросателлитных локусов с продуктивными признаками сельскохозяйственных животных, в том числе северных оленей, весьма сложно из-за их высокой вариабельности [11].

Хозяйственно-полезные признаки относятся к количественным показателям, имеют полигенную природу, аддитивный характер наследования, детерминированы генотипом и реализуются во взаимодействии с паратипическими факторами. Для популяции в целом среднее средовое откло-

Таблица 2. Частоты ISSR-маркеров в популяциях чукотской породы (M±m)

№ локуса	Длина фрагмента, п.о.	Популяция							Среднее n=876
		VAE n=89	HTR n=74	PNR n=150	KAN n=160	AMG n=160	VZR n=100	CHN n=143	
1	180–210	0,034	0,052	0,008	0,041	0,118	0,147	0,140	0,077
		0,019	0,025	0,007	0,015	0,025	0,035	0,029	0,0063
2	220–230	0,065	0,062	0,083	0,101	0,113	0,024	0,033	0,069
		0,026	0,028	0,022	0,023	0,025	0,015	0,014	0,0061
3	240–330	0,149	0,150	0,131	0,142	0,150	0,142	0,213	0,154
		0,037	0,041	0,027	0,027	0,028	0,034	0,034	0,0086
4	330–350	0,043	0,046	0,055	0,031	0,046	0,075	0,125	0,060
		0,021	0,024	0,018	0,013	0,016	0,026	0,027	0,0057
5	350–430	0,129	0,150	0,131	0,142	0,144	0,150	0,203	0,150
		0,035	0,041	0,027	0,027	0,027	0,035	0,033	0,0085
6	440–520	0,151	0,150	0,136	0,142	0,141	0,148	0,148	0,145
		0,037	0,041	0,028	0,027	0,027	0,035	0,029	0,0084
7	520–570	0,117	0,142	0,136	0,142	0,141	0,141	0,103	0,132
		0,023	0,040	0,028	0,027	0,027	0,034	0,025	0,0081
8	650–690	0,062	0,092	0,079	0,058	0,061	0,136	0,024	0,073
		0,025	0,033	0,022	0,018	0,018	0,034	0,012	0,0062
9	700–770	0,097	0,054	0,131	0,141	0,085	0,036	0,000	0,078
		0,031	0,026	0,027	0,027	0,022	0,018	0,000	0,0064
10	850–980	0,101	0,017	0,088	0,062	0,000	0,001	0,007	0,039
		0,032	0,015	0,023	0,019	0,000	0,003	0,006	0,0046
11	1100–1300	0,052	0,085	0,020	0,000	0,000	0,000	0,004	0,023
		0,023	0,032	0,011	0,000	0,000	0,000	0,005	0,0036

Примечание. 1. п.о. — пар оснований. 2. В числителе — среднее значение, в знаменателе — ошибка. 3. VAE, HTR, CHN, VZR, KAN, AMG, PNR — обозначение популяций (см. в разделе «Материал и методы»).

нение принимается как равное нулю, при этом среднее фенотипическое равно среднему генотипическому значению, а понятие популяционного среднего можно одинаково отнести и к фенотипической, и к генотипической ценности популяции [23, 24].

В селекции северных оленей оценка по живой массе считается основной, поскольку в значительной мере влияет на мясную, рабочую, пантовую и молочную продуктивность этих животных. Живая масса северных оленей имеет высокую вариабельность по стадам и популяциям, у отдельных животных, в различные годы и по сезонам года. Влияние фактора «хозяйство» (природные + хозяйственные условия) на живую массу половозрастных групп оленей составляет в среднем 28%. Изменчивость агрометеорологических условий ареалов в различные годы отражается на состоянии флоры, кормовых ресурсах, фенологии, пастбищном питании, содержании животных и, в итоге, на их фенотипе. В различные годы варьирование живой массы особи в среднем составляет 23% [25, 26, 27].

Сравнительный анализ корреляций частот ISSR-маркеров и живой массы позволяет констатировать, что для всех половозрастных групп оленей по локусам № 3 (240–330 п.о.), № 4 (330–350)

и № 5 (350–430) характерна обратная по направлению и умеренная по тесноте связь. Средние значения коэффициента корреляции по данным локусам оказались в пределах -0,603; -0,648 и -0,646 соответственно. По локусам № 6 (440–520 п.о.), № 7 (520–570) и № 8 (650–690), напротив, обнаружена прямая зависимость, в среднем коэффициенты корреляции по этим локусам составили соответственно: 0,266; 0,597 и 0,559. Локусы №№ 1, 2, 9, 10 отличались неустойчивой связью, локус № 11 из-за неполного числа значений в расчетах не использовали (табл. 4). Полученные данные позволяют выявить тренды сопряженности ISSR-маркеров и живой массы в популяциях чукотской породы, уменьшить пространство поиска генов, полиморфизм которых ассоциирован с изменчивостью живой массы.

ISSR-маркеры средней длины (240–700 п.о.), типичные для чукотской породы, по-видимому, ассоциированы с адаптивной стабильностью популяций. Общим для них является существование в экстремальных природных и климатических условиях, когда естественный отбор жестко элиминирует все мало способствующие адаптации отклонения от оптимального варианта. Каждая популяция адаптировалась к местным экологическим факторам, и только в данных условиях жи-

Таблица 3. Сводная таблица дисперсионного анализа однофакторного комплекса влияния «хозяйства» на частоту ISSR-маркеров

Показатель	Межгрупповое варьирование под влиянием фактора (x)	Внутригрупповое варьирование под влиянием случайных факторов (z)	Общее варьирование (y)
Сумма квадратов отклонения (C_i)	$C_x = \sum h - H = 7921,9 - 6427,4 = 1494,4$	$C_z = \sum \sum V^2 - \sum h = 8694,093 - 7921,9 = 772,2$	$C_y = \sum \sum V^2 - H = 8694,0 - 6427,4 = 2266,6$
Доля влияния (η_i^2)	$\eta_x^2 = C_x / C_y = 1494,4 / 2266,6 = 0,659$	$\eta_z^2 = C_z / C_y = 772,2 / 2266,6 = 0,341$	$\eta_y^2 = C_y / C_y = 1$
Число степеней свободы (γ_i)	$\gamma_x = r - 1 = 11 - 1 = 10$	$\gamma_z = N - r = 77 - 11 = 66$	$\gamma_y = N - 1 = 77 - 1 = 76$
Средний квадрат (σ_i^2)	$\sigma_x^2 = C_x / \gamma_x = 1494,4 / 10 = 149,4$	$\sigma_z^2 = C_z / \gamma_z = 772,2 / 66 = 11,7$	$\sigma_y^2 = C_y / \gamma_y = 2266,6 / 76 = 29,8$
Критерий достоверности, $F_{эмп}$	$F_x = \sigma_x^2 / \sigma_z^2 = 149,4 / 11,7 = 12,8$		

Таблица 4. Коэффициенты корреляции частот ISSR-маркеров и живой массы в популяциях оленей чукотской породы

№ локуса	Длина фрагмента, п.о.	Половозрастная группа			
		Важенки	Быки	Телята	Среднее
3	240–330	-0,463	-0,658	-0,689	-0,603
4	330–350	-0,524	-0,739	-0,682	-0,648
5	350–430	-0,484	-0,779	-0,675	-0,646
6	440–520	0,407	0,081	0,309	0,266
7	520–570	0,551	0,540	0,701	0,597
8	650–690	0,571	0,387	0,718	0,559

вотные показывают в среднем максимальную выносливость, жизнеспособность и продуктивность [28, 29].

Эти факторы оказывают влияние на фенотип и на геном особи, чем, вероятно, можно объяснить ассоциации микросателлитных локусов с показателем живой массы.

Совершенствование хозяйственно-полезных признаков животных основывается на геноме, который является продуктом мутаций, генетического дрейфа, адаптации и эволюции в течение определенного периода времени, с различным давлением отбора, в сочетании с климатом, местной флорой, доступной пищей и применяемыми селекционными критериями. В микроэволюции северного оленя ведущая роль принадлежит естественному отбору, действие и направление которого зависит от комплекса средовых факторов и способа ведения оленеводства в различных хозяйствах [30-33].

Выводы:

Популяционно-генетические параметры чукотской породы типичны для северных оленей (*Rangifer tarandus*). Поскольку отдельные фрагменты ДНК присутствовали у оленей всех попу-

ляций наиболее часто (от 0,103 до 0,213), можно предположить, что для чукотской породы спектр из 4 ампликонов — № 3 (240–330 п.о.), № 5 (350–430), № 6 (440–520) и № 7 (520–570) является специфичным.

Влияние фактора «хозяйство» на частоту фрагмента ДНК составляет $\eta_x^2 = 65,9\%$. Корреляционное отношение $\eta_x = 0,811$ подтверждает наличие существенной зависимости между признаками.

Для локусов № 3 (240–330 п.о.), № 4 (330–350 п.о.), № 5 (350–430 п.о.) характерна обратная по направлению и умеренная по силе связь с живой массой; среднее значение коэффициента корреляции для этих локусов равно: $r_3 = -0,603$; $r_4 = -0,648$ и $r_5 = -0,646$. По локусам № 6 (440–520 п.о.), № 7 (520–570 п.о.) и № 8 (650–690 п.о.), напротив, обнаружена прямая по действию и средняя по величине зависимость, коэффициенты корреляции в среднем составили $r_6 = 0,266$; $r_7 = 0,597$ и $r_8 = 0,559$.

Полученная информация позволяет выявить тренды ассоциаций ISSR-маркеров и живой массы в популяциях чукотской породы, уменьшить пространство поиска генов, полиморфизм которых ассоциирован с изменчивостью живой массы.

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. Система ведения оленеводства в Магаданской области. Рекомендации. // Сост. П. М. Барсов, Н. Ф. Белый, Г. Я. Брызгалов [и др.] / Новосибирск. — 1986. — 251 с.
3. Племенная работа в северном оленеводстве: Метод. рекомендации. / Сост. А. Д. Мухачев [и др.] // ВАСХНИЛ. Сиб. отд-ние. НИИСХ Крайнего Севера. Новосибирск. — 1988. — 18 с.
4. Инструкция по бонитировке северных оленей. Новосибирск. — 1988. — 20 с.
5. Глазко Т. Т. ДНК-технологии для повышения мясной продуктивности / Т. Т. Глазко, А. Б. Коморов, Е. В. Борзаковская // Известия ТСХА. — 2008. — Вып. 1. — С. 75–80.
6. Костюнина О. В. Племенная ценность хряков крупной белой породы с различными генотипами по ДНК-маркерам ESR / О. В. Костюнина, Н. А. Свеженцева, Н. А. Зиновьева и др. // Достижения науки и техники АПК. — 2011. — № 10. — С. 57–58.
7. Валитов Ф. Р. Эффективность использования современных методов маркерной селекции в молочном скотоводстве. Автореферат д. с.-х. н. ФГБОУ ВО Башкирский ГАУ. Уфа. — 2018. — 44 с.
8. Перчун А. В. Оценка костромской породы крупного рогатого скота по ДНК-маркерам хозяйственно-полезных признаков. Диссертация к. б. н. Мин. сель. Хоз-ва. РФ ФГБОУ ВПО «Костромская ГСХ». Костромская область. Пос. Караваево. — 2015. — 121 с.
9. Волкова В. В. Характеристика аллелофонда локальных пород крупного рогатого скота России по микросателлитным маркерам / В. В. Волкова, Т. Е. Денискова, О. В. Костюнина, Х. А. Амерханов, Т. И. Добрынина, Н. А. Зиновьева // Генетика и разведение животных. — 2018. — № 1. — С. 3–10.
10. Zhang Q. Genome-wide association study for longevity with whole-genome sequencing in 3 cattle breeds / Q. Zhang, B. Guldbrandtsen, J. R. Thomasen, M. S. Lund, G. Sahana // Journal of Dairy Science. — 2016. — №99 (9). — P. 7289-7298.
11. 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.

12. Зиновьева Н. А. Генетическая экспертиза сельскохозяйственных животных: применение тест-систем на основе микросателлитов / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь // Достижения науки и техники АПК. — 2011. — №9. — С. 19-20.
13. Столповский Ю. А. Дифференциация генофонда пород крупного рогатого скота по ISSR-PCR-маркерам / Ю. А. Столповский, Ахани Азари М., Н. В. Кол и др. // Известия ТСХА. — 2009. — Вып. 3. — С. 89–97.
14. Харзинова В. Р. Разработка мультиплексной панели микросателлитов для оценки достоверности происхождения и степени дифференциации популяций северного оленя *Rangifer tarandus* / В. Р. Харзинова, Е. А. Гладырь, В. И. Федоров и др. // С.-х. биология. — 2015. — №6. — Т. 50. — С. 756–765.
15. Зиновьева Н. А. Методические рекомендации по использованию метода полимеразной цепной реакции в животноводстве / Н. А. Зиновьева, А. Н. Попов, Л. К. Эрнст [и др.]. // Дубровицы: ВИЖ. — 1988. — 47 с.
16. 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.
17. Вейр Б. Анализ генетических данных // М.: Мир. — 1995. — 319 с.
18. Животовский Л. А. Статистические методы анализа частот генов в природных популяциях // Итоги науки и техники: Общая генетика. — М. — 1983. — Т. 8. — С. 76–104.
19. Меркурьева Е. К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных // М.: «Колос». — 1970. — 422 с.
20. 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. — С. 1731–1734.
21. Романенко Т. М. Генетическая структура популяции северных оленей о. Колгуев Ненецкого автономного округа / Т. М. Романенко, Л. А. Калашников, Г. И. Филиппова и др. // Достижения науки и техники АПК. — 2014. — № 4. — С. 68–70.
22. Cronin V. 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*) / V. A. Cronin, J. C. Patton, M. D. Macneil, C. John // J. Heredity. — 2006. — V. 97. — № 5 — С. 525–530.
23. Фолконер Д. С. Введение в генетику количественных признаков. / Пер. с англ. // М.: Агропромиздат. — 1985. — 486 с.
24. Шилер Р. Селекция в животноводческой практике / Р. Шилер, Я. Вахал, Я. Винш. Пер. с чешского. // М.: Колос. — 1981. — 220 с.
25. Южаков А. А. Особенности наследования живой массы у домашних северных оленей / А. А. Южаков // Зоотехния. — 2005. — № 6. — С. 11–12.
26. Баскин Л. М. Северный олень. Экология и поведение // М.: Наука. — 1970.
27. Брызгалов Г. Я. Влияние экзогенных факторов на фенотип оленя // Агропромышленный комплекс: состояние, проблемы, перспективы: сборник статей V Международной научно-практической конференции // МНИЦ ПГСХА. — Пенза: РИО ПГСХА. — 2009. — С. 135–138.
28. Алтухов Ю. П. Генетические процессы в популяциях // М. — 1983. — 279 с.
29. Шмальгаузен И. И. Пути и закономерности эволюционного процесса. Избранные труды // М.: Наука. — 1983. — 360 с.
30. Шубин П. Н. Биохимическая и популяционная генетика северного оленя / П. Н. Шубин, Э. А. Ефимцева // Л.: Наука. — 1988. — 101 с.
31. Южаков А. А. Хозяйственное использование и экотипы северных оленей ненецкой породы / А. А. Южаков, А. Д. Мухачев, П. Н. Шубин // Сибирский вестник с.-х. науки. — 1994. — № 1–2. — С. 53–58.
32. Южаков А. А. Особенности пороодообразования в северном оленеводстве // Наука — оленеводству: сб. науч. тр. / РАСХН, Сиб. отд-ние. Якут. НИИСХ. Якутск. — 2005. — Выпуск 3. — С. 105–114.
33. Картавцев Ю. Ф. Молекулярная эволюция и популяционная генетика: Учебное пособие. // Владивосток: Изд-во ДВГУ. — 2008. — 2-е изд. — 562 с.

Brizgalov G., Ignatovich L.

The way of value of Correlation of genomic DNA microsatellite loci and live weight of Chukchi reindeer

Abstract. *The aim of this work is to study correlations of the frequencies of SSR markers (Inter Simple Sequence Repeat) and live weight of domestic reindeer. A spectrum of 4 amplicons with a fragment size of 240–330 bp, 350–430 bp, 440–520 bp and 520–570 bp can be considered specific for the Chukchi breed, since deer of all populations is most common. The variability of SSR markers in populations indicates the similarity between them in most allelic frequencies. This confirms the common origin, economic and breeding use of deer of the Chukchi breed. Loci No. 1, 3, 4, 5, 6 are positively associated with each other, while with other loci they have the opposite correlation direction of communication. For all sex and age groups of deer, loci no. 3 (240–330 bp), no. 4 (330–350) and no. 5 (350–430) are characterized by a moderately crowded inverse relationship with an indicator of live weight. The average value of the correlation coefficient for these loci was equal to: -0.603; -0.648 and -0.646, respectively. By loci No. 6 (440–520 bp), No. 7 (520–570) and No. 8 (650–690), on the contrary, a direct in action and medium in magnitude connection was noted, the correlation coefficient for these loci an average of 0.266; 0.597 and 0.559, respectively. The data obtained allow us to identify trends in the correlation conjugacy of ISSR markers and live weight, and to reduce the search space for genes whose polymorphism is associated with live weight variability in Chukchi populations. Using the analysis of variance, a reliable influence of the «farm» factor (ecology + farm conditions) on the frequency of occurrence of a DNA fragment with an average value of the influence force $\eta_x^2 = 65,9\%$ was established. The correlation ratio $\eta_x = 0.811$ confirms the presence of a close relationship between the attributes.*

Keywords: reindeer; Chukchi breed; genome; microsellite; correlation coefficient; live weight.

Authors:

Brizgalov G. — Leading Researcher; e-mail: agrarian@maglan.ru;

Ignatovich L. — Researcher; e-mail: agrarian@maglan.ru.

The Federal State Budgetary Scientific Institution Magadan Agricultural Research Institute, Russia 68500, Magadan, Proletarskaya street,17.

References

1. Podkorytov, F. M. Northern reindeer husbandry // F. M. Podkorytov, V. A. Zabrodin, E. K. Borozdin [and other] — M: Agrarian Russia. — 2004. — 450 p.
2. The system of reindeer husbandry in the Magadan region. Recommendations. // Comp. P. M. Barsov, N. F. Bely, G. Ya. Bryzgalov [and others] / Novosibirsk. — 1986. — 251 p.
3. Breeding work in reindeer herding: Method. recommendations. / Comp. A. D. Mukhachev [et al.] // VASKHNIL. Sib. separation. Research Institute of Agriculture of the Far North. Novosibirsk. — 1988. — 18 p.
4. Instructions for grading reindeer. Novosibirsk. — 1988. — 20 p.
5. Glazko T. T. DNA technologies for increasing meat productivity / T. T. Glazko, A. B. Komorov, E. V. Borzakovskaya // Izvestiya TSKhA. — 2008. — Issue. 1. — P. 75–80.
6. Kostyunina O. V. Breeding value of boars of large white breed with different genotypes for DNA markers ESR / OV Kostyunina, NA Svezhentseva, NA Zinovieva et al. // Achievements of science and technology of agro-industrial complex. — 2011. — № 10. — P. 57–58.
7. Valitov F. R. Efficiency of using modern methods of marker selection in dairy cattle breeding. Abstract of D.S.-kh. n. FSBEI HE Bashkir State Agrarian University. Ufa. — 2018. — 44 p.
8. Perchun A. V. Evaluation of the Kostroma breed of cattle by DNA markers of economically useful traits. Ph.D. thesis n. Min. mudflow Households. RF FSBEI HPE «Kostroma State Agricultural Academy». Kostroma region. Pos. Karavaevo. — 2015. — 121 p.
9. Volkova V. V. Characteristics of the allele pool of local breeds of cattle in Russia by microsatellite markers / V. V. Volkova, T. E. Deniskova, O. V. Kostyunina, Kh. A. Amerkhanov, T. I. Dobrynina, N. A. Zinovieva // Genetics and animal breeding. — 2018. — № 1. — P. 3–10.

10. Zhang Q. Genome-wide association study for longevity with whole-genome sequencing in 3 cattle breeds / Q. Zhang, B. Guldbrandtsen, J. R. Thomasen, M. S. Lund, G. Sahana // Journal of Dairy Science. — 2016. — № 99(9). — P. 7289–7298.
11. Krutikova A. A. Promising genes for improving the indicators of meat productivity in reindeer herding (review) / AA Krutikova, NV Dementyeva, OV Mitrofanova // Genetics and animal breeding. — 2017. — № 1. — P. 31–35.
12. Zinovieva N. A. Genetic examination of farm animals: the use of test systems based on microsatellites / N. A. Zinovieva, E. A. Gladyr // Achievements of science and technology of the agro-industrial complex. — 2011. — № 9. — P. 19–20.
13. Stolpovskiy Yu. A. Differentiation of the gene pool of cattle breeds by ISSR-PCR markers / Yu. A. Stolpovskiy, Ahani Azari M., N. V. Kol and others // Izvestiya TSKhA. — 2009. — Issue 3. — P. 89–97.
14. Kharzinova VR Development of a multiplex panel of microsatellites for assessing the reliability of the origin and the degree of differentiation of populations of the reindeer *Rangifer tarandus* / VR Kharzinova, EA Gladyr, VI Fedorov et al. // S.-x ... biology. — 2015. — № 6. — Vol. 50. — P. 756–765.
15. Zinovieva N. A. Methodical recommendations on the use of the polymerase chain reaction method in animal husbandry / N. A. Zinovieva, A. N. Popov, L. K. Ernst [et al.]. // Dubrovitsy: VIZH. — 1988. — 47 p.
16. Zietkievicz E. Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification / E. Zietkievicz, A. Rafalski, D. Labuda // Genomics. — 1994. — № 20. — P. 176–183.
17. Weir B. Analysis of genetic data // M.: Mir. — 1995. — 319 p.
18. Zhivotovskiy L. A. Statistical methods of analysis of gene frequencies in natural populations // Results of science and technology: General genetics. — M. — 1983. — Vol. 8. — P. 76–104.
19. Merkurieva E. K. Biometrics in breeding and genetics of agricultural animals // M.: «Kolos». — 1970. — 422 p.
20. Kol N. V. Polymorphism of ISSR-PCR markers in the Tuvian population of reindeer (*Rangifer tarandus* L.) / N. V. Kol, O. E. Lazebny // Genetics. — 2006. — Vol. 42. — P. 1731–1734.
21. Romanenko T. M. Genetic structure of the reindeer population of the island. Kolguev of the Nenets Autonomous Okrug / T. M. Romanenko, L. A. Kalashnikov, G. I. Filippova, etc. // Achievements of science and technology of the agro-industrial complex. — 2014. — № 4. — P. 68–70.
22. Cronin V. 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*) / V. A. Cronin, J. C. Patton, M. D. Macneil, C. John // J. Heredity. — 2006. — V. 97. — №5. — P. 525–530.
23. Folkoner D. S. Introduction to the genetics of quantitative traits. / Per. from English. // M.: Agropromizdat. — 1985. — 486 p.
24. Shiler R. Selection in animal husbandry practice / R. Shiler, J. Wahal, J. Vinsh. Per. from Czech. // M.: Kolos. — 1981. — 220 p.
25. Yuzhakov A. A. Features of the inheritance of live weight in domesticated reindeer / A. A. Yuzhakov // Animal husbandry. — 2005. — № 6. — P. 11–12.
26. Baskin L. M. Reindeer. Ecology and behavior // M.: Science. — 1970.
27. Bryzgalov G. Ya. Influence of exogenous factors on the phenotype of deer // Agro-industrial complex: state, problems, prospects: collection of articles of the V International scientific-practical conference // MNITS PGSKhA. — Penza: RIO PGSKhA. — 2009. — P. 135–138.
28. Altukhov Yu. P. Genetic processes in populations // M. — 1983. — 279 p.
29. Shmalgauzen II Ways and patterns of the evolutionary process. Selected Works // M.: Science. — 1983. — 360 p.
30. Shubin P. N. Biochemical and population genetics of the reindeer / P. N. Shubin. Shubin, E. A. Efimtseva // L.: Science. — 1988. — 101 p.
31. Yuzhakov A. A. Economic use and ecotypes of reindeer of the Nenets breed / A. A. Yuzhakov, A. D. Mukhachev, P. N. Shubin // Siberian Bulletin of Agricultural Sciences. science. — 1994. — № 1–2. — P. 53–58.
32. Yuzhakov A. A. Features of breed formation in northern reindeer breeding // Science — reindeer breeding: collection of articles. scientific. tr. / RASKhN, Sib. separation. Yakut. Research Institute of Agriculture. Yakutsk. — 2005. — Issue 3. — P. 105–114.
33. Kartavtsev Yu. F. Molecular evolution and population genetics: textbook. // Vladivostok: Publishing house of the Far Eastern State University. — 2008. — 2nd ed. — 562 p.