

Г. Я. Брызгалов, Л. С. Игнатович

Ассоциации показателей генотипического разнообразия и живой массы в популяциях оленей чукотской породы

Аннотация.

Цель: исследование ассоциаций живой массы и генотипических признаков в популяциях северных оленей.

Материалы и методы. Исследования проводились в 2018–2020 гг. на базе 8 сельхозпредприятий Чукотки. Материалом для генетических исследований служили образцы ткани (ушной выщип) оленей разных половозрастных групп. В молекулярно-генетических исследованиях использовано 1002 пробы. Индивидуальное генотипирование животных осуществляли с использованием ISSR-PCR-метода. Живую массу оленей определяли по материалам зоотехнических отчетов оленеводческих хозяйств. Ассоциации средних популяционных показателей генетического разнообразия и живой массы оленей устанавливали расчетно-статистическим методом сравнения величин значений. Вычисление коэффициента корреляции проводили методом произведений по формуле Пирсона.

Результаты. Изменчивость ISSR-маркеров в популяциях свидетельствует о значительном сходстве между ними по большинству аллельных частот, что подтверждает общность происхождения, хозяйственного и племенного использования оленей чукотской породы. Для популяций характерна высокая степень гетерогенности. Различия по величине живой массы между высокопродуктивными и менее продуктивными популяциями в среднем по всем половозрастным группам оленей составили 16,8%. При этом популяции с высокой живой массой оленей достоверно превосходили популяции с меньшей живой массой по среднему числу аллелей на локус на 5,0% ($P<0,01$), числу действующих эффективных аллелей — на 11,8% ($P<0,001$), индексу полиморфного информационного содержания (PIC) — на 35,8% ($P<0,01$). Коэффициент гомозиготности у малопродуктивных животных был на 12,6% больше, чем в высокопродуктивной группе. В популяциях с наиболее высокой живой массой оленей — WZR, WAE и AMG обнаружены и наиболее значимые показатели генетического разнообразия: среднего числа аллелей на локус — 8,57; 10,45 и 8,71; эффективных аллелей на локус — 7,57; 9,10 и 8,15; ожидаемой гетерозиготности — 0,868; 0,890 и 0,877; индекса PIC — 0,248; 0,380 и 0,374, соответственно. В популяциях с низкой живой массой оленей — OST и CHN обнаружены и самые малые значения числа действующих эффективных аллелей на локус — 6,68 и 6,41; ожидаемой гетерозиготности — 0,850 и 0,844, индекса PIC (долей гетерозигот) — 0,151 и 0,254. Коэффициент корреляции между показателем живой массы и генетического разнообразия оленей оказался равен для среднего числа аллелей на локус $r = 0,335$; числа эффективных аллелей — $r = 0,52$; гетерозиготности — $r = 0,558$, доли гетерозиготных вариантов — $r = 0,646$.

Заключение. Полученные данные позволяют констатировать существование зависимости величины живой массы оленей от генотипического разнообразия в популяциях чукотской породы.

Ключевые слова: северный олень, чукотская порода, популяция, ISSR-маркеры, разнообразие, живая масса, ассоциации.

Авторы:

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

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

Магаданский научно-исследовательский институт сельского хозяйства; 685000, Россия, Магаданская область, г. Магадан, ул. Пролетарская, 17.

Введение. Северный олень (*Rangifer tarandus*) как объект разведения сохраняет свое хозяйственное значение в циркумполлярных регионах России [1]. На Крайнем Северо-востоке наиболее многочисленная чукотская порода. Характеризуется

рядом ценных биологических и хозяйственно-полезных признаков, таких как скороспелость, ранний отел, способность к быстрому нагулу, хорошие мясные качества, приспособленность к условиям ареала [2].

Несмотря на принимаемые меры, поголовье животных сокращается, и это требует постоянного внимания к состоянию генофонда. Из-за специфики содержания селекционно-племенная работа с северными оленями 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 северном оленеводстве такой подход находится на начальных стадиях, но активно изучается [7].

Полиморфизм ДНК дает возможность исследовать генетическую структуру, дифференцировать породы и популяции оленей. Особое место благодаря высокой информативности, быстроте анализа и низкой стоимости занимает молекулярный мультилокусный или ISSR-анализ, позволяющий использовать любые ткани и органы, независимо от стадии онтогенеза животного [8, 9, 10].

В сравнении с другими породами северных оленей генетика чукотской породы исследована менее полно. Изучение зависимости между полиморфизмом ISSR-маркеров и продуктивными признаками оленей чукотской породы ранее не проводилось.

Цель — исследование ассоциаций живой массы и генотипических признаков в популяциях северных оленей.

Материалы и методы. Исследования выполнены в 2018–2020 гг. на базе 8 сельхозпредприятий, расположенных в Чукотском автономном округе — Возрождение (WZR), Ваежский (WAE), Амгуэма (AMG), Хатырский (HTR), Пионер (PNR), Канчаланский (KAN), Чаунское (CHN) и Островное (OST) с общей численностью оленей 95148 голов.

Материалом для генетических исследований служили образцы ткани (ушной выщип) оленей разных половозрастных групп. Пробы отбирали рандомным методом, от клинически здоровых животных во время коральных работ и плановой реализации оленей на мясо. Образцы консервировали холодом и этиловым спиртом. В молекулярно-генетических исследованиях использовано 1002 пробы.

Анализы полиморфизма фрагментов ДНК выполнены в лаборатории ДНК-технологий ВНИИ-плем. Индивидуальное генотипирование животных осуществляли с использованием ISSR-PCR-метода. Выделение ДНК и постановку ПЦР проводили по общепринятым методикам [11, 12].

Для проведения полимеразной цепной реакции (PCR) из образцов ткани оленей выделяли

геномную ДНК, в качестве праймера в реакционную смесь добавляли фрагменты динуклеотидного микросателлитного локуса (AG)₉.

PCR проводили на амплификаторе «Терцик, ДНК Технология» (Россия) с применением набора сухих реагентов для PCR-амплификации ДНК Genepak™ PCR Core (Изоген, Москва). Условия PCR: первоначальная денатурация 2 мин при 95°C, денатурация при 95°C — 30 с, отжиг при 55°C — 30 с, синтез при 72°C — 2 мин (37 циклов), завершающий синтез при 72°C — 7 мин. Фракционирование продуктов PCR-амплификации выполнено в 2%-м агарозном геле с применением в качестве ДНК-маркера GeneRuler™ 100 bp DNA Ladder Plus (MBI Fermentas, USA). Визуализацию продуктов PCR-амплификации проводили под ультрафиолетовым излучением на трансиллюминаторе после окрашивания гелей бромистым этидием. Для расчетов использовали локусы ДНК с фрагментами 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» [13].

На основе популяционных генных частот определяли среднее число аллелей на локус МС: $Na = (\sum \sqrt{p_i})^2$, эффективное число аллелей на локусе: $Ne = 1/\sum p_i^2$, уровень теоретической, или ожидаемой, гетерозиготности по Робертсону: $He = 1 - \sum p_i^2$, ошибку: $S_{He} = \sqrt{He(1-He)/N}$, где p_i — частота гена, N — число особей в выборке [14].

Значения индекса PIC (Polymorphic Information Content) вычисляли по формуле Botstein et al.: $PIC = 2f(1-f)$, где f — частота одного из двух аллелей: $f = \sqrt{R}$, где R — частота встречаемости вариантов, у которых отсутствовал фрагмент ДНК данной длины [15]. Живую массу оленей определяли по материалам зоотехнических отчетов оленеводческих хозяйств. Ассоциации средних популяционных показателей генетического разнообразия и живой массы оленей устанавливали расчетно-статистическим методом сравнения величин значений. Вычисление коэффициента корреляции проводили методом произведений по формуле Пирсона [16].

Результаты исследования и их обсуждение. В процессе исследований получена информация о частотах ISSR-маркеров выборочных совокупностей из популяций оленей в ареале Чукотского АО.

Сравнительный анализ данных показал, что популяционно-генетические параметры чукотской породы характерны для северных оленей (*Rangifer tarandus L.*) [17, 18]. В изученном массиве чукотской породы все выявленные ISSR-маркеры оказались полиморфными, так как представлены с разной частотой, меньшей 1. Исследованные популяции различались частотами ISSR-маркеров (табл. 1).

Поскольку отдельные фрагменты ДНК обнаруживались в популяциях наиболее часто, спектр из 5 ампликонов с интервалом размера фрагмента 180–210 п.о., 240–330 п.о., 350–430 п.о., 440–520 п.о. и 520–570 п.о., встречающийся наиболее часто, можно считать типичным для чукотской породы.

Данные таблицы 1 свидетельствуют о том, что ISSR-маркеры оленей чукотской породы характеризуются значительным разнообразием, отличаются частотой встречаемости и могут рассматриваться как перспективные маркеры для исследования

внутрипородной генетической изменчивости, дифференциации отдельных групп животных. ISSR-маркеры в диапазоне 180–700 п.о., 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 уклонения от оптимального варианта [19, 20].

Каждая популяция приспособилась к местным экологическим факторам, и только в данных условиях животные показывают в среднем максимальную выносливость, жизнеспособность и продуктивность [21, 22, 23].

Среднее число аллелей и число действующих эффективных аллелей на локус характеризуют внутрипопуляционное разнообразие оленей чукотской породы как значительное (табл. 2).

Уровень теоретической, или ожидаемой, гетерозиготности (H_e) — это, в сущности, оценка ал-

Таблица 1. Частота ISSR-маркеров в популяциях оленей чукотской породы

№ локуса	ИРФ, п.н.	Популяция								Среднее
		WZR	WAE	AMG	HTR	PNR	KAN	CHN	OST	
		n=100	n=89	n=160	n=60	n=150	n=150	n=143	n=150	n=1002
1	180–210	0,147*	0,033	0,118	0,141	0,008	0,167	0,140	0,095	0,106
		0,025	0,013	0,018	0,032	0,005	0,022	0,005	0,017	0,010
2	220–230	0,024	0,065	0,113	0,019	0,083	0,013	0,033	0,039	0,049
		0,011	0,018	0,018	0,013	0,016	0,007	0,011	0,011	0,007
3	240–330	0,142	0,150	0,150	0,166	0,131	0,175	0,213	0,183	0,164
		0,025	0,027	0,020	0,034	0,019	0,022	0,024	0,022	0,012
4	330–350	0,075	0,043	0,046	0,033	0,055	0,028	0,125	0,067	0,059
		0,019	0,015	0,012	0,016	0,013	0,010	0,020	0,014	0,007
5	350–430	0,150	0,129	0,144	0,166	0,131	0,174	0,203	0,183	0,160
		0,025	0,025	0,020	0,034	0,019	0,022	0,024	0,022	0,012
6	440–520	0,148	0,151	0,141	0,163	0,136	0,159	0,148	0,183	0,154
		0,025	0,027	0,019	0,033	0,020	0,021	0,021	0,022	0,011
7	520–570	0,141	0,121	0,141	0,149	0,136	0,158	0,103	0,175	0,141
		0,025	0,024	0,019	0,033	0,020	0,021	0,018	0,022	0,011
8	650–690	0,136	0,062	0,061	0,124	0,079	0,109	0,024	0,059	0,082
		0,024	0,018	0,013	0,030	0,016	0,018	0,009	0,014	0,009
9	700–770	0,036	0,097	0,085	0,039	0,131	0,015	0,000	0,011	0,052
		0,013	0,022	0,016	0,018	0,019	0,007	0,000	0,006	0,007
10	850–980	0,001	0,101	0,000	0,000	0,088	0,000	0,007	0,004	0,025
		0,002	0,023	0,000	0,000	0,016	0,000	0,005	0,004	0,005
11	1100–1300	0,000	0,052	0,000	0,000	0,020	0,000	0,004	0,001	0,010
		0,000	0,017	0,000	0,000	0,008	0,000	0,004	0,002	0,003

Примечания:

- Над чертой — значение показателя, под чертой — ошибка репрезентативности.
- ИРФ — интервал размера фрагмента, пар нуклеотидов.
- Обозначение СХП (популяций): Возрождение (WZR), Ваежская (WAE), Амгуэма (AMG), Хатырская (HTR), Пионер (PNR), Канчаланская (KAN), Чаунская (CHN), Островная (OST) см. в разделе «Материал и методы».

лельного разнообразия популяций. Чем больше аллелей и чем более с равными частотами они представлены в популяции, тем выше гетерозиготность (генетическое разнообразие). Это подтверждается данными выборок из популяций оленей чукотской породы (табл. 1 и 2).

Высокий уровень гетерозиготности (0,844–0,890) дает преимущество животным по адаптивным признакам и обеспечивает устойчивость популяции [24, 25]. Показатель гетерозиготности отражает мутационные процессы, различные типы отбора, дрейфа генов, неслучайных спариваний и другие факторы динамики популяций [26].

Значения индекса PIC (Polymorphic Information Content) определяют долю гетерозиготных вариантов в популяции. Данные, представленные в таблице 2, показывают, что по ISSR-маркерам наибольшим количеством гетерозигот обладают популяции WAE (PIC=0,38) и AMG (PIC=0,374), а самая низкая доля гетерозиготных вариантов обнаружена в оленевых стадах OST (PIC=0,151), что связано с интенсивностью обмена аллелофондом.

Между признаками, отражающими генетическое разнообразие в популяциях чукотской породы, выявлена определенная корреляционная зависимость. Так, показатель среднего числа аллелей на локус Na тесно коррелирует с числом эффективных аллелей Ne ($r=0,934$) и ожидаемой гетерозиготностью He ($r=0,909$), а с PIC (долей гетерозигот) коррелирует на среднем уровне ($r=0,571$). Число эффективных аллелей находится практически в прямой зависимости с He ($r=0,996$) и сильной с PIC ($r=0,731$). Показатель ожидаемой гетерозиготности (He) коррелирует с PIC на уровне сильной связи ($r=0,725$).

Ассоциировать полиморфизм микросателлитных локусов с продуктивными признаками сель-

скохозяйственных животных, в том числе северных оленей, весьма сложно из-за их высокой вариабельности [7].

Хозяйственно-значимые признаки относятся к количественным признакам, имеют полигенную природу, аддитивный характер наследования, детерминированы генотипом и реализуются во взаимодействии с парагенетическими факторами [24]. Среднее средовое отклонение в целом для популяции принимается как равное нулю, при этом среднее фенотипическое равно среднему генотипическому значению. Понятие популяционного среднего можно одинаково отнести и к фенотипическому, и к генотипическому значению. Использование среднего фенотипического значения популяции является наилучшей оценкой средней генотипической ценности популяции [27].

В селекции северных оленей оценка по живой массе считается основной, поскольку в значительной мере влияет на мясную, рабочую, пантовую и молочную продуктивность особи [28]. Живая масса оленей имеет высокую вариабельность у отдельных животных по сезонам года, в различные годы, по стадам и популяциям. Влияние фактора «хозяйство» (природные + хозяйственные условия, в которых находится стадо) на живую массу половозрастных групп оленей составляет в среднем 28% [29, 30].

Изменчивость агрометеорологических условий ареала в различные годы отражается на фенологии, состоянии флоры, кормовых ресурсах, пастбищном питании и содержании животных, и, в конечном счете, на их фенотипе. В различные годы варьирование живой массы особи в среднем составляет 23% [29, 30].

С целью нивелирования воздействия факторов, влияющих на флуктуацию живой массы, исполь-

Таблица 2. Показатели генетического разнообразия чукотской породы

Показатель	WZR	Популяция							Среднее
		WAE	AMG	HTR	PNR	KAN	CHN	OST	
Среднее число аллелей на локус, Na	8,57*	10,45	8,71	8,12	9,95	7,71	8,00	8,47	8,75
	0,248	0,179	0,090	0,244	0,187	0,182	0,236	0,267	0,074
Число эффективных аллелей на локус, Ne	7,57	9,10	8,15	7,04	8,86	6,55	6,41	6,68	7,54
	0,303	0,312	0,147	0,339	0,251	0,231	0,284	0,310	0,096
Коэффициент гомозиготности, Ca	0,132	0,110	0,123	0,142	0,113	0,153	0,156	0,150	0,135
	0,034	0,033	0,026	0,045	0,026	0,029	0,030	0,029	0,011
Гетерозиготность ожидаемая, He	0,868	0,890	0,877	0,858	0,887	0,847	0,844	0,850	0,865
	0,034	0,039	0,026	0,045	0,026	0,029	0,030	0,029	0,011
Доля гетерозигот, PIC	0,248	0,380	0,374	0,239	0,273	0,236	0,254	0,151	0,269
	0,043	0,051	0,038	0,055	0,036	0,035	0,036	0,029	0,014

Примечание: над чертой — значение показателя, под чертой — ошибка представительности.

зовали средние данные за 4 смежных года по результатам плановой реализации оленей на мясо в IV квартале каждого года. Взяты показатели в разрезе половозрастных групп оленей (ПВГ) — по быкам, воженкам, бычкам и телятам 5–6 мес. В среднем за анализируемый период в изучаемых популяциях реализовано на убой 51644 головы оленей всех половозрастных групп. Численность животных, использованных при расчетах средней живой массы каждой половозрастной группы, составляла в среднем 403 особи. Это позволяет считать средние популяционные показатели живой массы ПВГ оленей близкими по значению к таковым генеральной совокупности.

Для исследования ассоциаций генетического разнообразия и живой массы восемь изучаемых популяций разделили по величине средней живой массы на 2 группы, по четыре популяции в каждой (табл. 3). В первую группу отнесены высокопродуктивные популяции с показателем средней живой массы, отвечающим требованиям бонитировочного класса элиты для оленей чукотской породы: быков — 134,1 кг, воженок — 102,5 кг, бычков — 86,5 кг и телят — 56,3 кг [4]. Во вторую, менее продуктивную группу вошли популяции со средней живой массой быков, воженок, бычков и телят соответственно 114,7 кг, 87,2 кг, 75,6 кг, и 47,5 кг.

Различия между группами по живой массе в пользу высокопродуктивных животных составили для быков — 16,9%, воженок — 17,5%, бычков — 14,5% и телят — 18,5%, в среднем по всем ПВГ — 16,8%.

При этом высокопродуктивные популяции оленей статистически достоверно превосходили менее продуктивные по среднему числу аллелей на локус на 5,0%, числу действующих эффективных аллелей на локус — на 11,8%.

Средний показатель гетерозиготности в популяциях оленей 1-ой группы на 1,9% превышал аналог 2-й группы.

Наиболее существенное различие между популяциями, отличающимися уровнем живой массы, установлено по индексу полиморфного информационного содержания (PIC) — на 35,8%. Коэффициент гомозиготности, отражающий генетическое единство популяций, в высокопродуктивной группе был на 12,6% меньше, чем в группе малопродуктивных животных ($P<0,001$). В популяциях с наиболее высокой живой массой половозрастных групп оленей: WZR, WAE и AMG обнаружены и наиболее значимые показатели генетического разнообразия: среднего числа аллелей на локус — 8,57; 10,45 и 8,71; числа эффективных аллелей на локус — 7,57; 9,10 и 8,15; ожидаемой гетерозиготности — 0,868; 0,890 и 0,877; индекса PIC — 0,248; 0,380 и 0,374, соответственно.

В популяциях с низкой живой массой оленей — OST и CHN обнаружены и менее значимые показатели среднего числа аллелей на локус — 8,47 и 8,0; действующих эффективных аллелей на локус — 6,68 и 6,41, ожидаемой гетерозиготности — 0,850 и 0,844, индекса PIC — 0,151 и 0,254, соответственно. Коэффициент гомозиготности в популяциях OST и CHN, напротив, был самый высокий — 0,150 и 0,156, соответственно.

Значения коэффициента корреляции между показателями живой массы и генетического разнообразия в популяциях чукотской породы по всем ПВГ оленей оказались равны для среднего числа аллелей на локус $r = 0,335$; числа эффективных аллелей — $r = 0,52$, теоретической гетерозиготности — $r = 0,558$ (табл. 4). Самая значимая по величине корреляция обнаружена между живой массой и долей гетерозиготных вариантов в популяции — $r = 0,646$.

В разрезе половозрастных групп оленей наибольший коэффициент корреляции между живой массой и показателями генетического разнообразия в популяциях оленей чукотской породы установлен по группе бычков ($r = 0,597 \dots 0,809$). Живая масса у них наиболее стабильный показатель в сравнении с другими ПВГ оленей, поскольку воженки — лактирующие, быки — после гона, телята — растущие и поэтому более зависимы от условий среды. Полученные данные позволяют констатировать существование зависимости уровня показателя живой массой от генотипического разнообразия в популяциях оленей чукотской породы.

Заключение. Различия между высокопродуктивными и менее продуктивными популяциями оленей составили по величине живой массы быков 16,9%, воженок — 17,5%, бычков — 14,5%, телят — 18,5%, в среднем по всем половозрастным группам — 16,8%.

При этом популяции с высокой живой массой достоверно превосходили менее продуктивные популяции по среднему числу аллелей на локус на 5% ($P<0,01$), действующих эффективных аллелей на локус — на 11,8% ($P<0,001$), индексу полиморфного информационного содержания (PIC) — на 35,8% ($P<0,01$). Коэффициент гомозиготности, отражающий генетическое единство популяций, у малопродуктивных животных был на 12,6% больше, чем в высокопродуктивной группе ($P<0,001$).

В популяциях с наиболее высокой живой массой оленей — WZR, WAE и AMG обнаружены и наиболее значимые показатели генетического разнообразия: среднего числа аллелей на локус — 8,57; 10,45 и 8,71; числа эффективных аллелей на локус — 7,57; 9,10 и 8,15; ожидаемой гетерозигот-

ности — 0,868; 0,890 и 0,877; индекса PIC — 0,248; 0,380 и 0,374, соответственно.

В популяциях с низкой живой массой оленей — OST и CHN обнаружены и самые низкие показатели числа действующих эффективных аллелей на локус — 6,68 и 6,41; ожидаемой гетерозиготности — 0,850 и 0,844, индекса PIC (долей гетерозигот) — 0,151 и 0,254.

Величины коэффициента корреляции между показателями живой массы и генетического разнообразия в популяциях чукотской породы по

всем ПВГ оленей оказались равны: для среднего числа аллелей на локус — $r = 0,335$; числа эффективных аллелей и ожидаемой гетерозиготности — $r = 0,52$ и $r = 0,558$, соответственно (табл. 4). Наиболее значимая корреляция обнаружена между живой массой и долей гетерозиготных вариантов в популяции — $r = 0,646$.

Полученные данные позволяют констатировать существование зависимости величины живой массы от генотипического разнообразия в популяциях оленей чукотской породы.

Таблица 3. Показатели живой массы и генетического разнообразия в популяциях чукотской породы

Популяция	Более продуктивные популяции					Менее продуктивные популяции					Разница	
	WZR	WAE	AMG	HTR	Среднее	PNR	KAN	CHN	OST	Среднее	Ед.	%
ПВГ	<i>Показатель живой массы, кг</i>											
Важенки	105,1	104,1	101,6	99,3	102,5	90,7	90,5	89,7	77,8	87,2	15,3	17,5
Телята	60,4	57,1	53,1	54,7	56,3	49,4	49,8	46,4	44,5	47,5	8,8	18,5
Бычки	85,4	91,3	87,6	81,9	86,5	81,1	78,8	69,1	73,5	75,6	10,9	14,5
Быки	131,7	135,3	132,3	137,1	134,1	113,7	114,0	119,7	111,3	114,7	19,4	16,9
<i>Показатель генетического разнообразия</i>												
Среднее число аллелей на локус	8,57*	10,45	8,71	8,12	8,96	9,95	7,71	8,00	8,47	8,53	0,43	5,0
0,248	0,179	0,090	0,244	0,093	0,187	0,182	0,236	0,267	0,111	0,145		
Эффективных аллелей на локус	7,57	9,10	8,15	7,04	7,97	8,86	6,55	6,41	6,68	7,13	0,84	11,8
0,303	0,123	0,147	0,339	0,132	0,251	0,231	0,248	0,310	0,137	0,190		
Коэффициент гомозиготности	0,132	0,110	0,123	0,142	0,127	0,113	0,153	0,156	0,150	0,143	0,016	12,6
0,034	0,033	0,026	0,045	0,016	0,026	0,029	0,030	0,029	0,014	0,004		
Гетерозиготность	0,868	0,890	0,877	0,858	0,873	0,887	0,850	0,844	0,850	0,857	0,016	1,9
0,034	0,033	0,026	0,045	0,016	0,026	0,029	0,030	0,029	0,014	0,004		
PIC (доля гетерозигот)	0,248	0,380	0,374	0,239	0,310	0,273	0,240	0,254	0,151	0,229	0,082	35,8
0,043	0,051	0,038	0,055	0,023	0,036	0,035	0,036	0,029	0,017	0,008		

Примечания:

1. ПВГ — половозрастная группа оленей.
2. Над чертой — значение показателя, под чертой — ошибка репрезентативности.

Таблица 4. Коэффициент корреляции показателей генетического разнообразия и живой массы в популяциях оленей чукотской породы

Показатель генетического разнообразия, коррелирующий с живой массой оленей	Половозрастная группа				Среднее
	Важенки	Телята	Бычки	Быки	
Среднее число аллелей на локус	0,301	0,298	0,597	0,193	0,335
Число эффективных аллелей на локус	0,522	0,478	0,780*	0,358	0,520
Коэффициент гомозиготности, Са	-0,556	-0,521	-0,809*	-0,396	-0,558
Ожидаемая гетерозиготность, Не	0,556	0,521	0,809*	0,396	0,558
Доля гетерозигот, PIC	0,731*	0,511	0,741*	0,602*	0,646

* Статистически достоверно при $P < 0,05$ -0,01.

Литература

1. Подкорытов Ф. М., Забродин В. А., Бороздин Э. К. [и др.] Северное оленеводство. — М.: Аграрная Россия, 2004. — 450 с.

2. Система ведения оленеводства в Магаданской области. Рекомендации. / Сост. Барсов П. М., Белый Н. Ф., Брызгалов Г. Я. [и др.] // Новосибирск, 1986. — 251 с.
3. Племенная работа в северном оленеводстве: Метод. рекомендации. / Сост. Мухачев А. Д. [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. 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.
8. 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.
9. Столповский Ю. А. Дифференциация генофонда пород крупного рогатого скота по ISSR-PCR-маркерам / Ю. А. Столповский, М. Ахани Азари, Н. В. Кол [и др.] // Известия ТСХА. — 2009. — Выпуск 3. — С. 89–97.
10. 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.] // Сельскохозяйственная биология. — 2015. — Т. 50. — №6. — С. 756–765.
11. Зиновьева Н. А., Попов А. Н., Эрнст Л. К. [и др.]. Методические рекомендации по использованию метода полимеразной цепной реакции в животноводстве // Дубровицы: ВИЖ. — 1998. — 47 с.
12. Zietkiewicz E. Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification / E. Zietkiewicz, A. Rafalski, D. Labuda // Genomics. — 1994. — № 20. — Р. 176–183.
13. Вейр Б. Анализ генетических данных. — М.: Мир, 1995. — 319 с.
14. Животовский Л. А. Статистические методы анализа частот генов в природных популяциях / Л. А. Животовский // Итоги науки и техники: Общая генетика. — М. — 1983. — Т. 8. — С. 76–104.
15. Botstein D. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism / D. Botstein, R. L. White, M. Skollnick, R. W. Davis // Am. J. Hum. Genet. — 1980. — Vol. 32. — P. 314–331.
16. Меркурьев Е. К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных. — М.: «Колос», 1970. — 422 с.
17. 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.
18. 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.
19. Алтухов Ю. П. Генетические процессы в популяциях. — М, 1983. — 279 с.
20. Шмальгаузен И. И. Пути и закономерности эволюционного процесса. Избранные труды. — М.: Наука, 1983. — 360 с.
21. Шубин П. Н., Ефимцева Э. А. Биохимическая и популяционная генетика северного оленя. — Л.: Наука, 1988. — 101 с.
22. 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.
23. Южаков А. А. Особенности породообразования в северном оленеводстве / Наука — оленеводству: сб. науч. тр. РАСХН, Сиб. отд-ние. Якут. НИИСХ // Якутск. — 2005. — Вып. 3. — С. 105–114.
24. Фолконер Д. С. Введение в генетику количественных признаков. — М.: Агропромиздат, 1985. — 486 с.
25. Картавцев Ю. Ф. Молекулярная эволюция и популяционная генетика: Учебное пособие. — Владивосток: Изд-во ДВГУ, 2008. — 2-е изд. — 562 с.
26. Левонтин Р. Генетические основы эволюции. — М.: Мир, 1978. — 352 с.
27. Шиллер Р., Вахал Я., Винш. Я. Селекция в животноводческой практике / Пер. с чешского. — М.: Колос, 1981. — 220 с.

28. Южаков А. А. Особенности наследования живой массы у домашних северных оленей / А. А. Южаков // Зоотехния. — 2005. — №6. — С. 11–12.
 29. 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.
 30. Баскин Л. М. Северный олень. Экология и поведение. — М.: Наука, 1970.
-

Brizgalov G., Ignatovich L.

Genotypic diversity and live weight in the populations of the Chukchi breed reindeer

Abstract.

Purpose: study of associations of live weight and genotypic traits in reindeer populations.

Materials and methods. The studies were carried out in 2018-2020. on the basis of 8 agricultural enterprises in Chukotka. Tissue samples (ear pinch) of deer of different sex and age groups served as material for genetic studies. In molecular genetic studies, 1002 samples were used. Individual genotyping of animals was carried out using the ISSR-PCR method. The live weight of the reindeer was determined using the materials of the zootechnical reports of the reindeer farms. Associations of the average population indices of genetic diversity and live weight of deer were established by a calculation-statistical method of comparing the values of values. The correlation coefficient was calculated by the product method according to the Pearson formula.

Results. The variability of ISSR markers in populations indicates a significant similarity between them in most of the allelic frequencies, which confirms the common origin, economic and breeding use of the Chukchi breed deer. The populations are characterized by a high degree of heterogeneity. Differences in live weight between highly productive and less productive populations on average for all sex and age groups of deer amounted to 16.8%. At the same time, the populations with a high live weight of deer significantly exceeded the populations with a lower live weight in the average number of alleles per locus by 5.0% ($P < 0.01$), the number of effective effective alleles — by 11.8% ($P < 0.001$), polymorphic information content index (PIC) — by 35.8% ($P < 0.01$). The homozygosity coefficient in the low-productive animals was 12.6% higher than in the high-productive group. In the populations with the highest live weight of deer — WZR, WAE and AMG, the most significant indicators of genetic diversity were also found: the average number of alleles per locus is 8.57; 10.45 and 8.71; effective alleles per locus — 7.57; 9.10 & 8.15; expected heterozygosity — 0.868; 0.890 & 0.877; PIC index — 0.248; 0.380 and 0.374, respectively. In populations with a low live weight of deer — OST and CHN, the smallest values of the number of active effective alleles per locus were found — 6.68 and 6.41; expected heterozygosity — 0.850 and 0.844, PIC index (proportion of heterozygotes) — 0.151 and 0.254. The correlation coefficient between the indicator of live weight and the genetic diversity of deer turned out to be equal for the average number of alleles per locus $r = 0.335$; the number of effective alleles — $r = 0.52$; heterozygosity — $r = 0.558$, the proportion of heterozygous variants — $r = 0.646$.

Conclusion. The data obtained make it possible to state the existence of a dependence of the live weight of deer on the genotypic diversity in the populations of the Chukchi breed.

Key words: reindeer, Chukchi breed, population, ISSR markers, diversity, live weight, associations.

Authors:

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

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

Magadan Research Institute of Agriculture Russia, 685000, Russia, Magadan region, Magadan, st. Proletarskaya, 17.

References

1. Podkorytov F. M., Zabrodin V. A., Borozdin E. K. [et al.] Northern reindeer breeding. — Moscow: Agrarian Russia, 2004. — 450 p.
 2. The system of reindeer husbandry in the Magadan region. Recommendations. / Comp. Barsov P. M., Bely N. F., Bryzgalov G. Ya. [Et al.] // Novosibirsk, 1986. — 251 p.
-

3. Breeding work in reindeer husbandry: Method. recommendations. / Comp. Mukhachev A. D. [and others] // 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 large white boars with different genotypes for DNA markers ESR / O. V. Kostyunina, N. A. Svezhentseva, N. A. Zinovieva [and others] // Achievements of science and technology Agro-industrial complex. — 2011. — №10. — P. 57–58.
7. Krutikova A. A. Promising genes for improving the indicators of meat productivity in reindeer husbandry (review) / A. A. Krutikova, N. V. Dementyeva, O. V. Mitrofanova // Genetics and animal breeding. — 2017. — № 1. — P. 31–35.
8. 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.
9. Stolpovskiy Yu. A. Differentiation of the gene pool of cattle breeds by ISSR-PCR markers / Yu. A. Stolpovskiy, M. Akhani Azari, N. V. Kol [and others] // Izvestiya TSKHA. — 2009. — Issue 3. — P. 89–97.
10. Kharzinova V. R. Development of a multiplex panel of microsatellites to assess the reliability of the origin and the degree of differentiation of the Rangifer tarandus reindeer populations / V. R. Kharzinova, E. A. Gladyr, V. I. Fedorov [et al.] // Agricultural biology. — 2015. — V. 50. — № 6. — P. 756–765.
11. Zinovieva N. A., Popov A. N., Ernst L. K. [and others]. Methodical recommendations on the use of the polymerase chain reaction method in animal husbandry // Dubrovitsy: VIZh. — 1998. — 47 p.
12. 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.
13. Weir B. Analysis of genetic data. — M.: Mir, 1995. — 319 p.
14. Zhivotovsky L. A. Statistical methods of analysis of gene frequencies in natural populations / L. A. Zhivotovsky // Results of science and technology: General genetics. — M. — 1983. — V. 8. — P. 76–104.
15. Botstein D. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism / D. Botstein, R. L. White, M. Skollnick, R. W. Davis // Am. J. Hum. Genet. — 1980. — Vol. 32. — P. 314–331.
16. Merkurieva E. K. Biometrics in breeding and genetics of agricultural animals. — M.: «Kolos», 1970. — 422 p.
17. Romanenko T. M. Genetic structure of the population of reindeer about. Kolguev of the Nenets Autonomous Okrug / T. M. Romanenko, L. A. Kalashnikova, G. I. Filippova [and others] // Achievements of science and technology of the agro-industrial complex. — 2014. — № 4. — P. 68–70.
18. 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.
19. Altukhov Yu. P. Genetic processes in populations. — M, 1983. — 279 p.
20. Shmalgauzen I. I. Ways and patterns of the evolutionary process. Selected Works. — M.: Science, 1983. — 360 p.
21. Shubin PN, Efimtseva EA Biochemical and population genetics of reindeer. — L.: Science, 1988. — 101 p.
22. 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 Agriculture. science. — 1994. — № 1–2. — P. 53–58.
23. 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.
24. Folkoner D. S. Introduction to the genetics of quantitative traits. — M.: Agromizdat, 1985. — 486 p.
25. Kartavtsev Yu. F. Molecular evolution and population genetics: textbook. — Vladivostok: Publishing house of the Far Eastern State University, 2008. — 2nd ed. — 562 p.
26. Lewontin R. Genetic foundations of evolution. — M.: Mir, 1978. — 352 p.
27. Shiler R., Wahal Ya., Vinsh. Ya. Selection in livestock practice / Per. from Czech. — M.: Kolos, 1981. — 220 p.
28. Yuzhakov A. A. Features of the inheritance of live weight in domesticated reindeer / A. A. Yuzhakov // Animal husbandry. — 2005. — № 6. — P. 11–12.
29. Bryzgalov G. Ya. The influence of exogenous factors on the phenotype of the 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.
30. Baskin L. M. Reindeer. Ecology and behavior. — M.: Science, 1970.