

Молекулярная генетика

Рубрика

doi.org/10.31043/2410-2733-2022-3-5-11
УДК 636.52/ 58.082.474

А. Д. Соловьева, В. Р. Харзинова, Т. Е. Денискова, Н. А. Зиновьева

Исследование генетической структуры домашних и диких северных оленей Республики Саха (Якутия) с использованием STR-анализа**Аннотация.**

Цель: характеристика современного состояния генетического и аллельного разнообразия пород домашнего оленя и популяций дикого северного оленя, обитающих на территории Республики Саха (Якутия), с использованием STR-маркеров.

Материалы и методы. Выборка домашней популяции включала оленей эвенской (EVN, $n=33$), эвенкийской (EVK, $n=31$) и чукотской (харгин) пород (KH, $n=33$). Выборка дикого северного оленя была представлена образцами тундровой (WLD_TUN, $n=119$) и таежной (WLD_TGA, $n=14$) популяций. Анализ полиморфизма 14 STR-локусов (NVHRT21, NVHRT24, NVHRT76, RT1, RT6, RT7, RT9, RT27, RT30, RT25, RT13, NV03, RT5 и NV73) был проведен по собственным методикам на генетическом анализаторе ABI3130xl («Applied Biosystems», США). Параметры аллельного и генетического разнообразия вычисляли с использованием программного обеспечения GenAlEx (ver. 6.5.1) и R package “diveRsity”. Для оценки генетической структуры проведен анализ главных компонент (Principal Component Analysis, PCA) с помощью R пакета adegenet и с визуализацией в R пакете ggplot2. Оценка степени генетической дифференциации популяций северного оленя выполнена на основании матрицы попарных значений F_{ST} с построением филогенетического дерева по алгоритму “сети соседей” (Neighbor-Net) в программе SplitsTree 4.14.5.

Результаты. Анализ параметров генетического разнообразия показал, что уровень наблюдаемой гетерозиготности был наименьшим у WLD_TGA ($H_o = 0,520$) среди всех изучаемых групп и варьировал от 0,615 в KH до 0,691 в EVK. Все группы оленей характеризовались дефицитом гетерозигот, о чем свидетельствовали положительные значения коэффициента инбридинга: от $uF_{IS} = 0,101$ в EVK до $uF_{IS} = 0,372$ в WLD_TGA. Среднее число аллелей на локус варьировало 7,1 у EVN до 12,4 у WLD_TUN. Группы дикого оленя превосходили своих домашних сородичей по показателю аллельного разнообразия ($A_R = 7,8-8,6$ и $A_R = 6,2-6,8$, соответственно) и по числу эффективных аллелей на локус ($N_E = 5,3-6,9$ и $N_E = 4,1-4,5$, соответственно). Анализ главных компонент показал, что первая главная компонента отделяет большинство особей дикого от представителей домашнего северного оленя. При анализе значений F_{ST} выявлено, что KH была наиболее генетической удаленной как от пород домашнего северного оленя ($F_{ST} = 0,072$ между KH и EVN, и $F_{ST} = 0,065$ между KH и EVK), так и от популяций диких представителей этого вида ($F_{ST} = 0,076$ между KH и WLD_TGA, и $F_{ST} = 0,06$ между KH и WLD_TUN). Пары групп EVN и EVK ($F_{ST} = 0,047$), а также WLD_TUN и WLD_TGA ($F_{ST} = 0,008$) характеризуются незначительной генетической дифференциацией. В структуре генетического древа четко выделяются два кластера: дикие и домашние группы северного оленя.

Заключение. Полученные результаты могут быть полезны при разработке селекционных программ для пород домашнего северного оленя и научно-обоснованных программ по сохранению дикого северного оленя.

Ключевые слова: северные олени; генетическое разнообразие; STR-маркеры; генетическая структура; аллелофонд.

Авторы:

Соловьева Анастасия Дмитриевна — аспирант; e-mail: anastastasiya93@mail.ru;

Харзинова Вероника Руслановна — кандидат биологических наук, e-mail: veronika0784@mail.ru;

Денискова Татьяна Евгеньевна — кандидат биологических наук, e-mail: horarka@yandex.ru;

Зиновьева Наталия Анатольевна — доктор биологических наук, академик Российской академии наук, e-mail: n_zinovieva@mail.ru.

ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста; 142132, Российская Федерация, Московская область, Городской округ Подольск, п. Дубровицы 60.

Введение. Северный олень (*Rangifer tarandus*) — это уникальный вид копытных, у которого существуют домашняя и дикая формы, обитающие в пределах одного ареала.

Домашний северный олень дает возможность малочисленным коренным народам Севера выжить в суровой природе Крайнего Севера, обеспечивая их продуктами питания, теплой одеждой и транспортным средством [1; 2]. Домашнее оленеводство обеспечивает производство экологически безопасной продукции, в том числе диетического мяса, эндокринного сырья и субпродуктов [1].

По ресурсам диких северных оленей Якутия занимает четвертое место в мире после Канады - 1,5 млн., Аляски - 0,8 млн., Таймыра - 1,1 млн. особей [3]. Наряду с важным промысловым значением дикий северный олень, включающий тундровые и таежные популяции, — это неотъемлемая часть биоценозов, играющая важную роль в функционировании и устойчивости арктических и субарктических экосистем [3].

Генетика северных оленей, обитающих на территории России, изучалась с применением различных типов маркеров, включая доминантные ядерные маркеры (например, ISSR) [4], SNP-маркеры [5] и митохондриальные маркеры [6]. С целью повышения производительности и информативности STR-анализа для контроля достоверности происхождения и оценки биоразнообразия российских популяций северного оленя в ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста разработана мультилокусная панель [5]. С использованием собранной панели дана оценка степени дифференциации домашних северных оленей [7], был изучен аллелофонд выборок двух самых многочисленных популяций северного оленя — домашних оленей ненецкой породы и таймырской популяции дикого северного оленя, а также определена степень генетической интрогрессии между ними [7], описана генетическая характеристика региональных популяций ненецкой породы [8]. Тем не менее, исследования генетического разнообразия и генетической структуры домашних и диких северных оленей, обитающих на территории Республики Саха (Якутия), с использованием микросателлитов ограничиваются анализом отдельных пород.

Цель исследований — анализ современного состояния генетического разнообразия, популяционной структуры и степени генетической дифференциации эвенской, эвенкийской и харгин пород домашнего оленя, а также тундровой и таежной популяций дикого северного оленя, обитающих на территории Республики Саха (Якутия), с использованием микросателлитов.

Материалы и методы. Исследования проводили на домашних и диких северных оленях, обитающих на территории Республики Саха (Якутия). Выборка домашней популяции включала следующие породы: эвенская (EVN, $n=33$), эвенкийская (EVK, $n=31$) и экотип чукотской породы — харгин (KH, $n=33$). Выборка дикого северного оленя была представлена образцами тундровой (WLD_TUN, $n=119$) и таежной (WLD_TGA, $n=14$) популяциями. Используемые в данной работе образцы взяты из УНУ «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста. В исследованиях использовано оборудование ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста.

Выделение ДНК проводили с помощью наборов для выделения геномной ДНК серии «ДНК-Экстрен» (ЗАО «Синтол», Россия) в соответствии с протоколом фирмы-производителя. Анализ полиморфизма 14 STR-локусов (NVHRT21, NVHRT24, NVHRT76, RT1, RT6, RT7, RT9, RT27, RT30, RT25, RT13, NV03, RT5 и NV73) проведен по собственным методикам [5]. Амплификацию выполняли на термоциклере Labcycler (SensoQuest, Германия). Фрагменты исследовали на генетическом анализаторе ABI3130xl («Applied Biosystems», США). Размеры аллелей определяли с помощью программного обеспечения Gene Mapper v. 4 («Applied Biosystems», США). Для обработки результатов анализа формировали матрицу генотипов в формате Microsoft Excel.

Параметры аллельного и генетического разнообразия, включая число средних (N_A), эффективных (N_E) и частных (P_R) аллелей на локус, рарифицированное аллельное разнообразие (A_R), наблюдаемую (H_O) и несмещенную ожидаемую (H_E) гетерозиготность, а также несмещенный коэффициент инбридинга (F_{IS}), с доверительным интервалом 95% (CI), вычисляли с использованием программного обеспечения GenAlEx (ver. 6.5.1) [9] и R package “diveRsity” с последующей визуализацией в пакете “rophelper” [10].

Для оценки генетической структуры домашней и дикой популяций северного оленя нами проведен анализ главных компонент (Principal Component Analysis, PCA) с помощью R пакета adegenet [11] и с визуализацией в R пакете ggplot2 [12].

Оценка степени генетической дифференциации исследуемых популяций северного оленя выполнена на основании матрицы попарных значений F_{ST} [13] с последующим построением филогенетического дерева по алгоритму “сети соседей” (Neighbor-Net) в программе SplitsTree 4.14.5 [15].

Исходные файлы сформированы в программной среде R 3.5.0. Для создания исходных файлов использовали R версию 3.3.2. [15].

Результаты и обсуждение. При анализе всех использованных микросателлитов детектировано 179 аллелей, число которых варьировало от 7 (локус NVHRT24) до 22 (локус NV73). Значения наблюдаемой гетерозиготности варьировали от $0,422 \pm 0,059$ (локус RT27) до $0,781 \pm 0,029$ (локус RT30). Значения ожидаемой гетерозиготности были достаточно высокими по всем локусам, что в среднем составило $U_{HE} = 0,773 \pm 0,010$, с минимальными значениями показателя в локусе NVHRT24 ($0,640 \pm 0,020$) и максимальными в локусе RT13 ($0,831 \pm 0,018$). Таким образом, использованные нами микросателлиты характеризовались высокой степенью полиморфизма.

Среди всех изучаемых групп якутского северного оленя таежная популяция характеризовалась наименьшим уровнем наблюдаемой гетерозиготности ($H_O = 0,52 \pm 0,048$) (табл. 1). Анализ генетического разнообразия домашних северных

олений показал, что наблюдаемая гетерозиготность варьировала от 0,615 в группе породы харгин до 0,691 в выборке эвенкийской породы.

Выявлено, что все изучаемые группы характеризовались дефицитом гетерозигот, о чем свидетельствовали положительные статистически значимые значения коэффициента инбридинга. Среди пород домашнего северного оленя наименее выраженный недостаток гетерозигот был идентифицирован в группе эвенкийской породы ($U_{FIS} = 0,101$) по сравнению с выборками эвенкской ($U_{FIS} = 0,126$) и харгина ($U_{FIS} = 0,174$). Максимальные значения коэффициента инбридинга обнаружены в популяции дикого таежного северного оленя ($U_{FIS} = 0,372$).

Додохов В. В. и соавторы [3] сообщали о том, что наблюдаемое значение гетерозиготности у чукотской породы домашнего оленя составило 0,713 и было близко к ожидаемому уровню ($U_{HE} = 0,710$). В нашей работе выборка чукотской породы была самой малочисленной, поэтому, анализируя показатели генетического разнообразия,

Таблица 1. Параметры генетического разнообразия исследуемых пород домашнего и популяций дикого северного оленя Республики Саха (Якутия) на основе анализа 14 STR-маркеров

Популяция	n	H_O	U_{HE}	U_{FIS} [CI 95%]
EVN	33	$0,658 \pm 0,040$	$0,748 \pm 0,021$	$0,126[0,056;0,196]$
EVK	31	$0,691 \pm 0,026$	$0,771 \pm 0,019$	$0,101[0,04;0,162]$
KH	33	$0,615 \pm 0,039$	$0,744 \pm 0,028$	$0,174[0,094;0,254]$
WLD_TUN	119	$0,694 \pm 0,036$	$0,841 \pm 0,018$	$0,177[0,105;0,249]$
WLD_TGA	14	$0,520 \pm 0,048$	$0,827 \pm 0,016$	$0,372[0,262;0,482]$

*Примечание: n — количество голов, H_O — наблюдаемая гетерозиготность, U_{HE} — несмещенная ожидаемая гетерозиготность, U_{FIS} — несмещенный коэффициент инбридинга [CI 95%, диапазон вариации коэффициента u_{FIS} с доверительным интервалом 95%]. Расшифровку аббревиатур для популяций северного оленя см. в методике

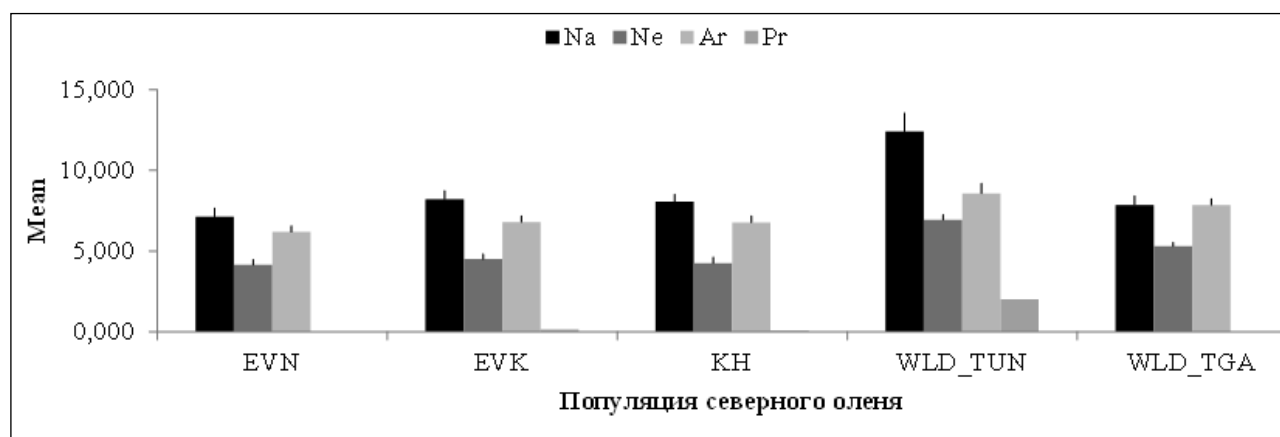


Рис. 1. Параметры аллельного разнообразия пород домашнего и популяций дикого северного оленя Республики Саха (Якутия) на основе анализа 14 STR-маркеров. N_A — среднее число аллелей на локус, N_E — число эффективных аллелей на локус; P_R — число частных аллелей, A_R — рарифицированное аллельное разнообразие. Расшифровку аббревиатур для популяций северного оленя см. в методике.

можно предположить, что были отобраны родственные особи.

Характеристика параметров аллельного разнообразия пород домашнего и популяций дикого северного оленя Республики Саха (Якутия) представлена на рис. 1. Среднее число аллелей на локус варьировало от 7,1 у EVN до 12,4 у

WLD_TUN. Группы дикого оленя превосходили своих домашних сородичей как по показателю аллельного разнообразия ($A_R = 7,8 - 8,6$ и $A_R = 6,2 - 6,8$, соответственно), так и по числу эффективных аллелей на локус ($N_E = 5,3 - 6,9$ и $N_E = 4,1 - 4,5$, соответственно).

Следует отметить, что среднее число аллелей на локус и число эффективных аллелей на локус,

вычисленные в нашей работе для выборки чукотской породы, были весьма близки к аналогичным значениям у этой породы, полученным на основе применения шестнадцати микросателлитов. Так, N_A и N_E составили 8,1 и 4,2 аллелей по сравнению с 7,9 и 4,1 аллелями по данным Додохова В. В. и соавторов [16].

Приватные аллели отсутствовали в группах EVN и WLD_TGA, встречались в незначительном количестве у KH (PR=0,071) и EVK (PR=0,143) и присутствовали у WLD_TUN (PR=2,000).

Тундровые популяции дикого северного оленя, населяющие Якутию, весьма многочисленны и характеризуются большим размахом сезонных миграций, охватывающих территории от Колымы до Анабара [3], что, вероятно, объясняет высокий уровень аллельного и генетического разнообразия этой группы, наблюдаемый в нашей работе.

Анализ главных компонент, проведенный для изучаемых групп якутских северных оленей (рис. 2) показал, что первая главная компонента отделяет большинство особей дикого от представителей домашнего северного оленя. Следует отметить, что породы домашнего северного оленя объединялись в более консолидированный кластер по сравнению с дикими особями, занимающими значительное пространство нижнего и верхнего левых квадрантов.

Для понимания генетической дифференциации между изучаемыми группами домашнего и дикого северного оленя были рассчитаны попарные значения показателя F_{ST} .

При анализе числовых значений F_{ST} выявлено (табл. 2), что в анализируемой выборке чукотская порода (харгин) была наиболее генетической удаленной как от пород домашнего се-

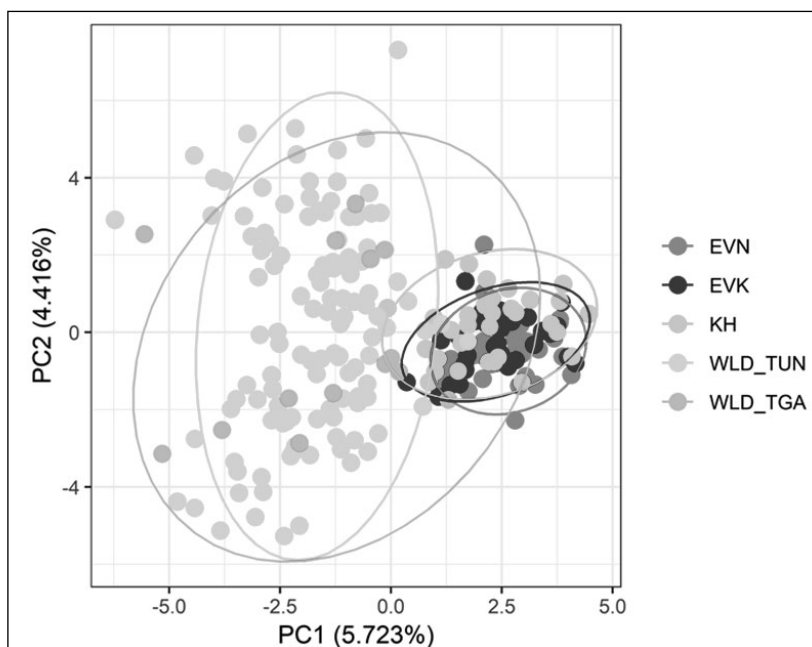


Рис. 2. Анализ главных компонент, проведенный для пород домашнего и популяций дикого северного оленя Республики Саха (Якутия) в плоскости двух первых главных компонент.

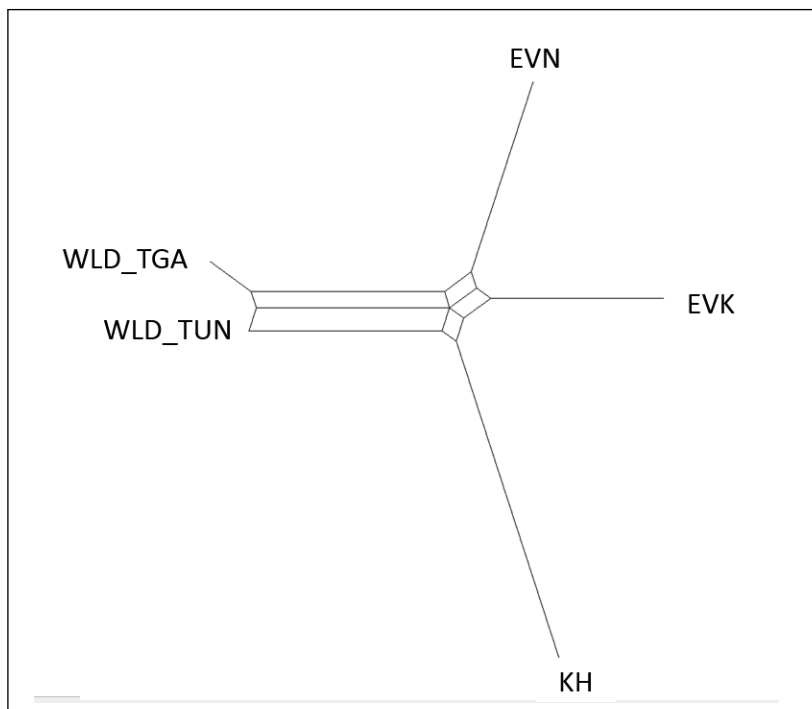


Рис. 3. Дендрограмма, отражающая генетические взаимосвязи пород домашнего и популяций дикого северного оленя Республики Саха (Якутия), построенная на основе матрицы попарных генетических дистанций F_{ST} по алгоритму «сети соседей» [Neighbour-Net].

верного оленя ($F_{ST} = 0,072$ между КН и EVN, и $F_{ST} = 0,065$ между КН и EVK), так и от популяций диких представителей этого вида ($F_{ST} = 0,076$ между КН и WLD_TGA, и $F_{ST} = 0,06$ между КН и WLD_TUN).

При интерпретации вычисленных значений показателя F_{ST} в соответствии с классификацией, предложенной D.L. Hartl и A.G. Clark [17], можно отметить, что пары групп EVN и EVK ($F_{ST} = 0,047$), а также WLD_TUN и WLD_TGA ($F_{ST} = 0,008$) характеризуются незначительной генетиче-

ской дифференциацией ($F_{ST} < 0,05$). Значения анализируемого показателя между КН и всеми остальными группами, а также группами домашнего и дикого северного оленя (EVN и WLD_TUN; EVN и WLD_TGA; EVK и WLD_TUN; EVK и WLD_TGA) свидетельствуют об умеренной генетической дифференциации (F_{ST} от 0,05 до 0,15).

Полученные результаты могут быть полезны при разработке селекционных программ для пород домашнего северного оленя и научно-обоснованных программ по сохранению дикого северного оленя.

Таблица 2. Генетическая дифференциация исследуемых пород домашнего и популяций дикого северного оленя Республики Саха (Якутия) на основании значений F_{ST}

Популяция	EVN	EVK	КН	WLD_TUN	WLD_TGA
EVN	0	0,047	0,072	0,054	0,055
EVK	0,047	0	0,065	0,051	0,056
КН	0,072	0,065	0	0,060	0,076
WLD_TUN	0,054	0,051	0,060	0	0,008
WLD_TGA	0,055	0,056	0,076	0,008	0

Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, проект № 21-16-00071 (исследования диких популяций) и при поддержке Министерства науки и высшего образования РФ в рамках темы Государственного задания № FGGN-2022-0002.

Литература

1. Владимиров Л. Н. Технология изгородного разведения северных домашних оленей в таежной зоне Центральной Якутии / Л. Н. Владимиров // Аграрный вестник Урала. — 2007. — № 6. — С. 31-33.
2. Окорочков А. И. О состоянии и развитии домашнего северного оленеводства в Республике Саха (Якутия) / А. И. Окорочков // Вестник Северо-Восточного федерального университета им. М. К. Аммосова. — 2013. — Вып. 10. — № 3. — С. 36-41.
3. Сафронов В. М. Дикий северный олень в Якутии / В. М. Сафронов // Наука и техника в Якутии. — 2003. — №2 (5).
4. Брызгалов Г. Я. Ассоциации показателей генотипического разнообразия и живой массы в популяциях оленей чукотской породы / Г. Я. Брызгалов, Л. С. Игнатович // Генетика и разведение животных. — 2021. — № 2. — С. 36-44. doi: 10.31043/2410-2733-2021-2-36-44.
5. Kharzinova V. R. Genetic diversity and population structure of domestic and wild reindeer (*Rangifer tarandus* L. 1758): a novel approach using BovineHD Beadchip / V. R. Kharzinova, A. V. Dotsev, T. E. Deniskova, A. D. Solovieva, G. Brem, N. A. Zinovieva, V. I. Fedorov, K. A. Layshev, T. M. Romanenko, I. M. Okhlopov, K. Wimmers, H. Reyer // PLoS ONE. — 2018. — Vol. 13. — № 11. — С. e0207944.
6. Kol N. V. Mitochondrial DNA polymorphism in Tuvian population of reindeer *Rangifer tarandus* / N. V. Kol, A. L. Korolev, I. A. Zacharov // Genetika. — 2006. — № 42(1). — P. 110-112.
7. Kharzinova V. R. Development of multiplex microsatellite panel to assess the parentage verification in and differentiation degree of reindeer populations (*Rangifer tarandus*) / V. R. Kharzinova, E. A. Gladys', V. I. Fedorov, T. M. Romanenko, L. D. Shimit, K. A. Layshev, L. A. Kalashnikova, N. A. Zinovieva // Agricultural Biology. — 2015. — № 50(6). — P. 756-765. doi: 10.15389/agrobiology.2015.6.756eng.
8. Deniskova T. E. Genetic characteristics of regional populations of Nenets reindeer breed (*Rangifer Tarandus*) / T. E. Deniskova V. R., Kharzinova, A. V. Dotsev, A. D. Solov'eva, T. M. Romanenko, A. A. Yuzhakov, K. A. Layshev, G. Brem, N. A. Zinovieva // Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]. — 2018. — V. 53. — № 6. — P. 1152-1161. doi: 10.15389/agrobiology.2018.6.1152eng.
9. Peakall R. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research — an update / R. Peakall, P. E. Smouse // Bioinformatics. — 2012. — № 28. — P. 2537-2539. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460.

10. Keenan K. diveRsity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors / K. Keenan, P. McGinnity, T. F. Cross, W. W. Crozier, P. A. Prodahl // *Methods in Ecology and Evolution*. — 2013. — № 4. — P. 782-788. doi.org/10.1111/2041-210X.12067
11. Jombart T. Adegnet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers / T. Jombart // *Bioinformatics*. — 2008. — № 24. — P. 1403-1405. doi: 10.1093/bioinformatics/btn129.
12. Wickham H. ggplot2: Elegant graphics for data analysis. NY. - Springer-Verlag. — 2009.
13. Weir B. S., Cockerham C. C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 1984
14. Huson D. H. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies / D. H. Huson, D. Bryant // *Molecular Biology and Evolution*. — 2006. — № 23. — P. 254-267. doi.org/10.1093/molbev/msj030
15. R Core Team. R: a language and environment for statistical computing. R Foundation for statistical computing. Vienna. — Austria. - 2012. <http://www.Rproject.org>. Available online at <https://www.R-project.org/>.
16. Додохов В. В. Генетическая характеристика чукотской породы оленей на территории Якутии / В. В. Додохов, Н. И. Павлова Т. Д., Румянцева, Л. А. Калашникова // *Генетика и разведение животных*. — 2020. — № 3. — С. 27-32.
17. Hartl D. L., Clark A. G. Principles of population genetics, United Kingdom: Sunderland, 1997.

Solovieva A., Kharzinova V., Deniskova T., Zinovieva N.

Study of the genetic structure of domestic and wild reindeer in the Republic of Sakha (Yakutia) using STR analysis

Abstract.

Purpose: evaluation of the current state of the genetic and allelic diversity of domestic and wild reindeer populations inhabiting the territory of the Republic of Sakha (Yakutia), using STR markers.

Materials and methods. The sample of the domestic reindeer included animals from Even (EVN, n=33), Evenk (EVK, n=31), and Chukchi (Khargin) breeds (KH, n=33). The sample of wild reindeer comprised representatives of the tundra (WLD_TUN, n=119) and taiga (WLD_TGA, n=14) populations. Polymorphism analysis of 14 STR loci including NVHRT21, NVHRT24, NVHRT76, RT1, RT6, RT7, RT9, RT27, RT30, RT25, RT13, NV03, RT5, and NV73 was performed using proprietary methods on ABI3130xl genetic analyzer (Applied Biosystems, USA). Allelic and genetic diversity parameters were calculated using GenAlEx software (ver. 6.5.1) and R package "diveRsity". To address the genetic structure, Principal Component Analysis (PCA) was performed using the R package adegenet and visualized in the R package ggplot2. The genetic differentiation of reindeer populations was performed based on a matrix of pairwise F_{ST} values and visualized as a phylogenetic tree using the Neighbor-Net algorithm in the SplitsTree 4.14.5 program.

Results. Analysis of genetic diversity parameters showed that the observed heterozygosity was the lowest in WLD_TGA ($H_O = 0,520$) among all studied groups and varied from 0.615 in KH to 0.691 in EVK. All reindeer groups were characterized by a heterozygote deficit, as evidenced by the positive values of the inbreeding coefficient: from $U_{FIS} = 0,101$ in EVK to $U_{FIS} = 0,372$ in WLD_TGA. The mean number of alleles per locus varied from 7.1 in EVN to 12.4 in WLD_TUN. Wild reindeer had higher allelic richness ($A_R = 7,8-8,6$ and $A_R = 6,2-6,8$, respectively) and number of effective alleles per locus ($N_E = 5,3-6,9$ and $N_E = 4,1-4,5$, respectively) in comparison with their domestic relatives. Principal Component Analysis showed that the first Principal Component separated wild reindeer from the domestic reindeer. Analyzing pairwise F_{ST} values, we found that the KH was the most genetically distant from domestic reindeer breeds ($F_{ST} = 0.072$ between KH and EVN, and $F_{ST} = 0.065$ between KH and EVK) and from wild reindeer populations ($F_{ST} = 0.076$ between KH and WLD_TGA, and $F_{ST} = 0,06$ between KH and WLD_TUN). Pairs EVN and EVK ($F_{ST} = 0.047$), as well as WLD_TUN and WLD_TGA ($F_{ST} = 0,008$) were characterized by insignificant genetic differentiation. Neighbor Net graph showed the formation of two clusters including wild and domestic reindeer populations

Conclusion. The results may be useful for development of breeding programs for breeds of domestic reindeer and conservation programs for wild reindeer.

Key words: reindeer; genetic diversity; STR markers; genetic structure; allele pool.

Authors:

Solovieva A. — post-graduate student; e-mail: anastasiya93@mail.ru;

Kharzinova V. — PhD (Biol. Sci.), e-mail: veronika0784@mail.ru;

Deniskova T. — PhD (Biol. Sci.), e-mail: horarka@yandex.ru;

Zinovieva N. — Dr. Habil (Biol. Sci.), Academician of the Russian Academy of Sciences, e-mail: n_zinovieva@mail.ru.

L. K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, 142132, Russian Federation, Moscow region, Podolsk city district, Dubrovitsy settlement 60.

References

1. Vladimirov L. N. The technology of hedroe dilution of northern home deer in the taiga zone of Central Yakutia / L. N. Vladimirov // *Agrarian Bulletin of the Urals*. — 2007. — № 6. — P. 31-33.
2. Zorokov A. I. On the state and development of home northern reindeer husbandry in the Republic of Sakha (Yakutia) / A. I. Zorokov // *Bulletin of the North-Eastern Federal University named after M. K. Ammosova*. — 2013. — Issue 10. — № 3. — P. 36-41.
3. Safronov V. M. The Wild Northern Deer in Yakutia / V. M. Safronov // *Science and Technique in Yakutia*. — 2003. — № 2 (5).
4. Bryzgalov G. Ya. Association of indicators of genotypic diversity and live weight in the populations of Chukotka deer / G. Ya. Bryzgalov, L. S. Ignatovich // *Genetics and breeding of animals*. — 2021. — №2. — P. 36-44. doi: 10.31043/2410-2733-2021-2-36-44.
5. Kharzinova V. R. Genetic diversity and population structure of domestic and wild reindeer (*Rangifer tarandus* L. 1758): a novel approach using BovineHD Beadchip / V. R. Kharzinova, A. V. Dotsev, T. E. Deniskova, A. D. Solovieva, G. Brem, N. A. Zinovieva, V. I. Fedorov, K. A. Layshev, T. M. Romanenko, I. M. Okhlopov, K. Wimmers, H. Reyer // *PLoS ONE*. — 2018. — Vol. 13. — № 11. — C. e0207944.
6. Kol N. V. Mitochondrial DNA polymorphism in Tuvian population of reindeer *Rangifer tarandus* / N. V. Kol, A. L. Korolev, I. A. Zacharov // *Genetika*. — 2006. — № 42(1). — P. 110-112.
7. Kharzinova V. R. Development of multiplex microsatellite panel to assess the parentage verification in and differentiation degree of reindeer populations (*Rangifer tarandus*) / V. R. Kharzinova, E. A. Gladys', V. I. Fedorov, T. M. Romanenko, L. D. Shimit, K. A. Layshev, L. A. Kalashnikova, N. A. Zinovieva // *Agricultural Biology*. — 2015. — № 50(6). — P. 756-765. doi: 10.15389/agrobiology.2015.6.756eng.
8. Deniskova T. E. Genetic characteristics of regional populations of Nenets reindeer breed (*Rangifer Taran-dus*) / T. E. Deniskova V. R., Kharzinova, A. V. Dotsev, A. D. Solov'eva, T. M. Romanenko, A. A. Yuzhakov, K. A. Layshev, G. Brem, N. A. Zinovieva // *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]*. — 2018. — V. 53. — № 6. — P. 1152-1161. doi: 10.15389/agrobiology.2018.6.1152eng.
9. Peakall R. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research — an update / R. Peakall, P. E. Smouse // *Bioinformatics*. — 2012. — № 28. — P. 2537-2539. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460
10. Keenan K. diveRsity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors / K. Keenan, P. McGinnity, T. F. Cross, W. W. Crozier, P. A. Prodahl // *Methods in Ecology and Evolution*. — 2013. — № 4. — P. 782-788. doi.org/10.1111/2041-210X.12067
11. Jombart T. Adegnet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers / T. Jombart // *Bioinformatics*. — 2008. — № 24. — P. 1403-1405. doi: 10.1093/bioinformatics/btn129
12. Wickham H. ggplot2: Elegant graphics for data analysis. NY. - Springer-Verlag. — 2009.
13. Weir B. S., Cockerham C. C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 1984
14. Huson D. H. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies / D. H. Huson, D. Bryant // *Molecular Biology and Evolution*. — 2006. — № 23. — P. 254-267. doi.org/10.1093/molbev/msj030.
15. R Core Team. R: a language and environment for statistical computing. R Foundation for statistical computing. Vienna. — Austria. - 2012. <http://www.Rproject.org>. Available online at <https://www.R-project.org/>.
16. Dodokhov V. V. Genetic characteristics of the Chukchi deer breed in Yakutia / V. V. Dodokhov, N. I. Pavlova T. D., Rumyantseva, L. A. Kalashnikova // *Genetics and breeding of animals*. — 2020. — № 3. — P. 27-32.
17. Hartl D. L., Clark A. G. Principles of population genetics, United Kingdom: Sunderland, 1997.