

Г. Я. Брызгалов, Л. С. Игнатович

Генетические параметры популяций северных оленей чукотской породы

Аннотация.

Цель: изучение генетических параметров популяций северного оленя чукотской породы по фрагментам молекулярного мультилокусного анализа ДНК.

Материалы и методы. Северные олени, участвовавшие в опыте, круглогодично выпасались на естественных пастбищах без дополнительного кормления. Материалом для исследований служили образцы ткани (выщип из ушной раковины) оленей разных половозрастных групп. Отбор проб проводили randomным методом от клинически здоровых животных во время коральных работ. Аналитические работы выполнены в лаборатории ДНК-технологий Всероссийского НИИ племенного дела с использованием ISSR-PCR-метода по праймеру (AG)₉C. Выделение ДНК и постановку ПЦР проводили общепринятыми методами. Для расчетов использовали фрагменты ДНК длиной от 180 до 1400 п.н., ясно различимые визуально и формирующие выраженные пики при компьютерном сканировании гелей.

Результаты. Обнаружены статистически значимые различия между популяциями по частотам ISSR-маркеров в интервале 1 года по 4-7 локусам из 11 выявленных, через поколение – от 1 до 4 локусов. С увеличением временного интервала между наблюдениями с 1 года до 5 лет роста изменений в геноме по числу локусов и в частотах ISSR-маркеров не отмечено. Во всех случаях по выявленным локусам микросателлитов популяции находились в состоянии генного равновесия. Факторами, стабилизирующими генетическую структуру популяций чукотской породы, являются свободное спаривание, характерное для северных оленей, значительное поголовье самцов, участвующих в воспроизводстве стада. Между популяциями из различных эколого-географических районов Чукотки по 6 локусам (54,5% случаев) установлены статистически значимые различия в частотах ISSR-маркеров. Популяция в ареале арктической тундры превосходила популяцию из лесотундры по коротким локусам (180-210 п.н.) и (330-350 п.н.) при $P < 0,001$, локусам средней длины (350-430 п.н.) при $P < 0,05$. В свою очередь, лесотундровая популяция превосходила арктическую по длинным локусам (700-1300 п.н.) при $p < 0,001$. Эколого-географические условия детерминируют частоту ISSR-маркеров в популяциях чукотской породы, тем самым, являясь фактором внутривидовой дифференциации. Учитывая, что численность оленей чукотской породы сокращается, необходим постоянный мониторинг генофонда.

Ключевые слова: северный олень; чукотская порода; популяции; ареал; ISSR-маркеры; частота; временные интервалы; география; влияние; мониторинг.

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, Магадан, ул. Пролетарская, 17

Введение. Чукотская порода северных оленей наиболее многочисленная на Крайнем Северо-востоке России. Обладает рядом ценных хозяйственно полезных признаков, таких как высокая энергия роста, хорошие мясные качества и репродуктивные свойства, ранний гон и отел, приспособленность к ареалу. До настоящего времени селекционно-племенная работа с северными оленями ведется традиционными методами, основанными на массовом отборе по фенотипу [1, 2]. Вместе с тем, необходимы исследования по внедрению в оленеводство успешно зарекомендовавших себя в селекции сельскохозяйственных животных молекулярно-генетических методов [3-5].

Генотипические и фенотипические свойства популяции формируются под воздействием факторов среды, наследственности, изменчивости и отбора. В каждой популяции идет процесс микроэволюции, обусловленной кормлением, содержанием, отбором и климатическими различиями. Генетические популяции непрерывно подвергаются влиянию разных типов скрещивания и размножения, искусственного и естественного отбора, мутационного процесса, меняющихся факторов среды, миграции особей [6-9].

Северные олени существуют в условиях постоянного воздействия экстремальных природных, климатических и хозяйственных факторов, ока-

зывающих влияние на фенотип животных и генетическую структуру популяции [10-12].

В оленеводческих хозяйствах Чукотки происходит постоянное движение поголовья. Для профилактики инбридинга, интродукции новых генов проводится обмен самцами между стадами, межхозяйственная купля-продажа племенных животных, плановый убой оленей на мясо, нарождается молодняк. Значительная доля особей элиминируется из оленьих стад в результате выбраковки животных по возрасту, ветеринарным требованиям, показателям бонитировки и другим причинам. Ежегодно непроизводительный отход оленей достигает 20 % оборота стада в результате гибели животных от болезней, экстремальных природных явлений, хищных зверей и птиц, «потеря без вести». Отход самцов при этом в 2-3 раза выше, чем самок. Мигрирующие дикие северные олени заходят в стада во время гона и спариваются с домашними самками. Перечисленные факторы оказывают определенное влияние на генетическую структуру сельскохозяйственных популяций северных оленей, в связи с чем необходим постоянный мониторинг.

Цель исследований — изучение генетических параметров популяций северного оленя чукотской породы по фрагментам молекулярного мультисеквенсного анализа ДНК

Материалы и методы. Научно-исследовательская работа выполнялась на базе сельхозпредприятий по разведению северных оленей, расположенных в Чукотском автономном округе: СХП «Возрождение» (WZR), «Хатырское» (HTR), филиалов по племенной работе «Канчаланский» (KAN), «Ваежский» (WAE), СХП «Амгуэма» (филиал «Полярник», PLR), «Пионер» (филиал «Заря», ZAR) и «Чаунское» (филиал «Айон», AON). Содержание и кормление животных осуществлялось в соответствии с действующим в оленеводстве Чукотского АО производственным регламентом.

Северные олени круглогодично выпасаются на естественных пастбищах без дополнительного кормления. Материалом для исследований служили образцы ткани (выщип из ушной раковины) оленей разных половозрастных групп. Отбор проб проводили рандомным методом от клинически здоровых животных во время коральных работ. Аналитические работы выполнены в лаборатории ДНК-технологий Всероссийского НИИ племенного дела с использованием ISSR-PCR-метода по праймеру (AG)₉C. Выделение ДНК и постановку ПЦР проводили общепринятыми методами [13, 14]. Для расчетов использовали

Таблица 1. Параметры частот ISSR-маркеров в популяциях чукотской породы в интервале 1 год (2018-2019 гг.), $M \pm m$

№ п/п	Интервал размера фрагмента, п.н.	Хатырская			Канчаланская		
		2018 г.	2019 г.	Разница	2018 г.	2019 г.	Разница
		n=74	n=60		n=160	n=150	
1	180-210	0,052±0,018	0,141±0,032	0,089	0,041±0,011	0,167±0,022	0,126
		P≤0,01			P≤0,001		
2	220-230	0,065±0,020	0,019±0,013	0,046	0,101±0,017	0,013±0,007	0,088
		P≤0,01			P≤0,01		
3	240-330	0,150±0,027	0,166±0,034	0,016	0,142±0,020	0,175±0,022	0,033
		P≥0,05			P≤0,05		
4	330-350	0,043±0,017	0,033±0,016	0,010	0,031±0,010	0,028±0,010	0,003
		P≥0,05			P≥0,05		
5	350-430	0,150±0,029	0,166±0,034	0,016	0,142±0,020	0,174±0,022	0,032
		P≥0,05			P≤0,05		
6	440-520	0,150±0,029	0,163±0,033	0,013	0,142±0,020	0,159±0,021	0,017
		P≥0,05			P≤0,05		
7	520-570	0,142±0,029	0,149±0,033	0,007	0,142±0,020	0,158±0,021	0,016
		P≥0,05			P≥0,05		
8	650-690	0,092±0,024	0,124±0,030	0,032	0,058±0,013	0,109±0,018	0,051
		P≤0,05			P≤0,05		
9	700-770	0,054±0,019	0,039±0,018	0,015	0,141±0,019	0,015±0,007	0,126
		P≥0,05			P≤0,001		
10	850-980	0,017±0,011	0,000±0,000	0,017	0,062±0,013	0,000±0,000	0,062
		P≥0,05			P≤0,05		
11	1100-1300	0,085±0,023	0,000±0,000	0,085	0,000±0,000	0,000±0,000	0,000
		P≤0,01			—		

Примечания. 1. п.н. — пар нуклеотидов. 2. Показатель статистической достоверности разности: $P \geq 0,05$ — не достоверно; $P \leq 0,05$; $P \leq 0,01$; $P \leq 0,001$ — статистически достоверно

фрагменты ДНК длиной от 180 до 1400 п.н., ясно различимые визуально и формирующие выраженные пики при компьютерном сканировании гелей. Статистическую обработку данных осуществляли с помощью стандартных компьютерных программ «Genepor» [15, 16].

Достоверность разности показателей выборочных совокупностей устанавливали по критерию Стьюдента [17, 18].

Генетические параметры изучали в целях оценки и выявления значимости факторов, определяющих изменчивость популяций. В задачу исследований входило сравнительное изучение частот встречаемости микросателлитов:

— в интервале одного года (популяции HTR и KAN по выборкам 2018 и 2019 гг.);

— при смене поколений — через 5 лет (популяции WZR, PLR и ZAR по выборкам 2013 и 2018 гг.);

— в популяциях из различных эколого-географических районов Чукотки — AON и WAE по выборкам 2019 года.

Филиал «Айон» (AON) СХП «Чаунское» — расположен за полярным кругом на одноименном острове Айон площадью 2000 км² (69°47'24» с.ш. и 168°39'03» в.д.), омываемом водами Восточно-

Сибирского моря. Климатический пояс — арктический морской. Среднегодовая температура в пределах -10,4...-12,1°C, минимальная -27,1°C (январь-февраль), максимальная +3,6...+7,5°C (июль), годовое количество осадков — 136...254 мм.

Растительный покров беден. Преобладают арктические тундры — 48,1 % всей территории. Наиболее ценны осоково-пушицевые кочкарные тундры. На болотах (13 % площади) оленей выпасают летом и осенью. Лишайниковых кормов немного: на горных пастбищах не более 5-6 %, на кочкарных — 3-4 % при высоте ягеля 1-2 см. Для летнего выпаса используют арктические приморские тундры, на зимовку стада уходят вглубь территории.

Филиал СХП «Ваежский» (WAE) расположен в эколого-географическом районе, охватывающем территорию водосбора реки Анадырь в верхнем и среднем течении. Климатический пояс — субарктический континентальный. Среднегодовая температура -9,2°C, минимальная -28,0°C (январь), максимальная +13,4°C (июль), годовое количество осадков — 334 мм.

Для зимнего выпаса используют крупнокустарниковые тундры со значительными запасами ягельных кормов (29,6 %). В долинах рек Анадырь, Майна, Ваеги, Яблон, Еропол и др. встречаются разнообразные участки лиственных редколесий. До середины зимы, когда снег ещё не очень

Таблица 2. Сравнительные данные частот ISSR-маркеров в популяциях оленей чукотской породы в интервале одного поколения (2013-2018 гг.), $M \pm m$

№ п/п	Интервал размера фрагмента, п.н.	Популяция								
		Возрождение (WZR)			Полярник (PLR)			Заря (ZAR)		
		2013 г n=50	2018 г n=100	Разница	2013 г n=61	2018 г n=160	Разница	2013 г n=49	2018 г n=150	Разница
1	180-210	0,158 ±0,036	0,147 ±0,025	0,011	0,162 ±0,033	0,118 ±0,018	0,044	0,137 ±0,034	0,008 ±0,005	0,129**
2	220-230	0,003 ±0,005	0,024 ±0,011	0,021	0,000	0,113 ±0,017	0,113**	0,039 ±0,019	0,083 ±0,016	0,033
3	240-330	0,152 ±0,036	0,142 ±0,024	0,01	0,154 ±0,032	0,150 ±0,020	0,004	0,134 ±0,034	0,131 ±0,019	0,003
4	330-350	0,073 ±0,026	0,075 ±0,018	0,002	0,000	0,046 ±0,012	0,046*	0,076 ±0,027	0,055 ±0,013	0,021
5	350-430	0,165 ±0,037	0,150 ±0,025	0,015	0,165 ±0,033	0,144 ±0,020	0,021	0,137 ±0,035	0,131 ±0,019	0,006
6	440-520	0,162 ±0,036	0,148 ±0,025	0,014	0,162 ±0,033	0,141 ±0,019	0,021	0,137 ±0,035	0,136 ±0,020	0,001
7	520-570	0,145 ±0,035	0,141 ±0,024	0,004	0,162 ±0,033	0,141 ±0,019	0,021	0,137 ±0,035	0,136 ±0,020	0,001
8	650-690	0,135 ±0,034	0,136 ±0,024	0,001	0,130 ±0,030	0,061 ±0,013	0,069*	0,137 ±0,035	0,079 ±0,015	0,058
9	700-770	0,003 ±0,005	0,036 ±0,013	0,033*	0,046 ±0,019	0,085 ±0,015	0,039	0,064 ±0,025	0,131 ±0,019	0,067*
10	850-980	0,003 ±0,005	0,001 ±0,002	0,002	0,016 ±0,011	0,000	0,016	0,000	0,088 ±0,016	0,088*
11	1100-1300	0,000	0,000	—	0,000	0,000	—	0,000	0,020 ±0,008	0,020*

Примечание. Разница статистически достоверна: * при $P \leq 0,05$; ** при $P \leq 0,01$, $P \leq 0,001$

глубокий, используют кедровниково-лишайниковые и осоково-пушицевые редколесья, где имеются запасы ягелей и подснежной зелени. Горные тундры богаты кормовыми лишайниками (40-45 ц/га). Летние пастбища расположены по верховьям рек с зарослями прирусловых ивняков [19].

Результаты и обсуждение. В процессе исследований получены данные о частотах ISSR-маркеров по выборкам из популяций чукотской породы. Все они характерны для северных оленей *Rangifer tarandus* [20-23].

По выборочным совокупностям 2018 и 2019 гг. в популяции СХП «Хатырское» (HTR) обнаружены статистически значимые различия в частотах ISSR-маркеров по 4 локусам из 11 выявленных. В частности, по коротким локусам — №1 (180-210 п.н.) и №2 (220-230 п.н.) частоты ISSR-маркеров различались при $P \leq 0,01$, локусу средней длины — №8 (650-690 п.н.) при $P \leq 0,05$ и длинному локусу №11 (1100-1300 п.н.) при $P \leq 0,01$ (табл. 1).

В популяции СХП «Канчаланский» (KAN), статистически значимые отличия обнаружены в 7 локусах из 10 выявленных. В том числе по 3-м коротким локусам — №1 (180-210 п.н.) при $P \leq 0,001$, №2 (220-230 п.н.) при $P \leq 0,01$ и №3 (240-330 п.н.) при $P \leq 0,05$. По локусам средней длины — №5 (350-430 п.н.) и №8 (650-690 п.н.) при $P \leq 0,05$, локусам — №9 (700-770 п.н.) при $P \leq 0,001$ и №10 (850-980 п.н.) при $P \leq 0,05$.

Таким образом, в HTR изменения в частотах ISSR-маркеров по локусам № 1, 2 и 11 прини-

маются (нулевая гипотеза отвергается), по локусу №5 вероятность лежит в пределах от 0,01 до 0,05, следовательно, возможность отвергнуть нулевую гипотезу сомнительна.

В KAN по локусам № 1, 2, 9 изменения, статистически значимые при $P < 0,01$ и $P < 0,001$, позволяют отвергнуть нулевую гипотезу, по локусам № 3, 5, 8, 10 при $P \leq 0,05$ возможность отвергнуть нулевую гипотезу сомнительна. Различия в частотах ISSR-маркеров данных популяций могли произойти вследствие интродукции новых генов как результат поступления оленей извне, а также в результате мутаций.

Дивергенция популяций в интервале 1 года по показателю генетического расстояния (M. Nei, 1972) в HTR составила 0,007, в KAN — 0,173. В HTR среднее число аллелей на локус уменьшилось с 10,16 до 9,42 (7,3 %), число эффективных аллелей — с 8,68 до 8,29 (4,4 %). В KAN среднее число аллелей на локус понизилось с 8,12 до 7,71 (5,0 %), число действующих эффективных аллелей — с 7,04 до 6,55 (7,0 %).

Коэффициент гомозиготности как в той, так и в другой популяциях вырос, а ожидаемая гетерозиготность уменьшилась. Установлено, что доля гетерозиготных вариантов (индекс PIC) в 2019 году в обеих популяциях уменьшилась по сравнению с 2018 годом. Более значимое снижение индекса PIC произошло в KAN — на 32,6 %; в HTR этот показатель составил 24,4 %. Выявленные изменения в генетической структуре популяций можно объяснить различной интенсивностью об-

Таблица 3. Сравнительные данные частот ISSR-маркеров ДНК в популяциях из различных эколого-географических районов Чукотки, М±m

№ п/п	Интервал раз- мера фраг- мента, п.н.	Наименование популяции		Оценка достоверности разности частот фраг- ментов ДНК		
		Айон, AON (зона Арктики) n=143	Ваежская, WAE (Суб- арктика) n=89	$p1-p2 / (m1^2 + m2^2)^{0.5}$ v = 230	td	P
1	180 - 210	0,140±0,0205	0,034±0,0135	0,106/0,0245	4,3	< 0,001
2	220 - 230	0,033±0,0105	0,065±0,0184	0,032/0,211	1,5	>0,05
3	240 - 330	0,213±0,0242	0,149±0,0266	0,064/0,0359	1,8	>0,05
4	330 - 350	0,125±0,0195	0,043±0,0152	0,082/0,0247	3,3	< 0,001
5	350 - 430	0,203±0,0237	0,129±0,0251	0,074/0,0345	2,1	< 0,05
6	440 - 520	0,148±0,0209	0,151±0,0268	0,003/0,0339	0,1	>0,05
7	520 - 570	0,103±0,0179	0,117±0,0240	0,014/0,0299	0,5	>0,05
8	650 - 690	0,024±0,0090	0,062±0,0180	0,038/0,0201	1,9	>0,05
9	700 - 770	0,000±0,0000	0,097±0,0221	0,097/0,0221	4,3	< 0,001
10	850 - 980	0,007±0,0049	0,101±0,0225	0,094/0,0230	4,1	< 0,001
11	1000 - 1300	0,004±0,0037	0,052±0,0166	0,048/0,0170	2,8	< 0,01

мена собственного аллелофонда — межстадной и межхозяйственной динамики поголовья.

Интервал между поколениями у северных оленей 5 лет, за данный промежуток времени происходит полная смена очередного поколения животных [7].

Представляет интерес динамика частот ISSR-маркеров в популяциях оленей чукотской породы в связи со сменой поколений. При сравнении параметров рядов выборочных совокупностей 2013 и 2018 гг. обнаружены статистически значимые отличия в частотах ISSR-маркеров популяции ZAR по локусам №1(180-210 п.н.), №9 (700-770), №10 (850-980) и №11(1100-1300), PLR — по локусам №2 (220-230 п.н.), №4 (330-350), №8 (650-690) и WZR — по локусу №9 (700-770 п.н.) (табл. 2).

Выявленные изменения в геноме животных PLR-популяции по локусам №2, №4 и ZAR по локусам №1 и №10 при $P < 0,01$ (нулевая гипотеза отвергается) не являются случайными и принимаются.

Статистическая значимость отличий частот ISSR-маркеров в выборках 2013 и 2018 годов, выявленных по локусам №9 популяции VZR, №8 — PLR и №9 и №11 — ZAR при $P < 0,05$, не позволяет отбросить нулевую гипотезу, поскольку для этого необходим уровень значимости $P < 0,01$ (Но отвергается при $P < 0,01$; Но принимается при $P \geq 0,05$). В данном случае вероятность лежит в пределах от 0,01 до 0,05, поэтому возможность отвергнуть нулевую гипотезу сомнительна [17].

Обнаруженные между выборками 2013 и 2018 гг. различия в геномах оленей, по всей вероятности, могли произойти вследствие интродукции новых генов в результате поступления племенного материала из других хозяйств, различных комбинаций при скрещивании неродственных групп животных, а также мутаций. Изменения в частотах встречаемости длинных локусов №10 и №11 генома оленей ZAR-популяции могли быть также привнесены и дикими самцами мигрантами, которые иногда заходят в стада оленей во время гона и спариваются с домашними самками. Подобная гипотеза, по всей вероятности, допустима, поскольку длинные локусы микросателлитов более характерны для диких северных оленей [20-23].

В период 2013-2018 гг. в стада СХП «Возрождение» оленей из других хозяйств не поступало, поэтому извне потока новых генов, по всей вероятности, не могло быть. В стада СХП «Амгуэма», включая филиал «Полярник», в 2006-2016 гг. по плану селекционно-племенной работы в Чукотском АО передано из других хозяйств 7670 оленей. В СХП «Пионер», в том числе филиал «Заря», в 2017 году поступило 192 бычка чукот-

ской породы. Кроме того, в данном хозяйстве межбригадный обмен оленями в 2016 году составил 2303 особи, в 2017 году — 2458, в 2018 году — 1480 голов, что, вероятно, могло отразиться на частоте ISSR-маркеров.

В фауне копытных северные олени как дикие, так и домашние, занимают наиболее экстремальную по природным и климатическим условиям нишу на земном шаре. Эколого-географические условия влияют на генотипические параметры популяций, тем самым являясь основным фактором внутривидовой дифференциации. Изменение генетической структуры популяций происходит в результате преимущественного размножения носителей определенных генотипов [24, 25].

Самые распространенные в Ваежской популяции (WAE) генотипы, имеющие в своем составе локусы №3, 5, 6, 7, 9 и 10. В популяции Айон (AON) чаще других встречаются генотипы, включающие локусы №1, 3, 4, 5, 6 и 7 (табл. 3).

Для AON характерна высокая частота коротких ампликонов: №1, 3, 4, 5, встречаемость которых достигает 0,203-0,213, что не обнаружено в других популяциях. AON статистически значимо превосходит WAE по локусу №1 (180-210 п.н.) в 4,1 раза ($P < 0,001$), локусу №4 (330-350 п.н.) — в 2,9 раза ($P < 0,001$; нулевая гипотеза отвергается) и локусу №5 (350-430 п.н.) — в 1,5 раза ($P < 0,05$; возможность отвергнуть нулевую гипотезу сомнительна).

Отличительной особенностью популяции WAE является наличие длинных ампликонов в диапазоне 700-1300 п.н., по частоте которых она статистически достоверно превышает популяцию AON — локусы №9, 10 и 11 при $P < 0,001$ (нулевая гипотеза отвергается). Ампликон №9 в выборке оленей AON не обнаружен, в то время как в WAE он представлен с частотой 0,097 и является информативным. Длинный локус №11 в WAE встречается с частотой более 5 % и для данной популяции также является информативным, у оленей AON выявлен только в 0,4 % случаев.

Таким образом, по 6 локусам из 11 выявленных (54,5 % случаев) установлены статистически значимые различия между популяциями. Олени AON превосходят WAE по коротким локусам, особи WAE, в свою очередь, превосходят аналоги AON по длинным локусам.

Среднее число аллелей на локус микросателлитов, характеризующее внутривидовое разнообразие, у оленей WAE достоверно больше на 2,4 (30 %) в сравнении с AON ($P < 0,001$). По числу эффективных аллелей разница соответственно составляет 2,8 (43,7%). Чем больше аллелей, и чем с более равными частотами они представлены, тем значительнее гетерозиготность [16]. Высокий уровень гетерозиготности дает преимущество животным по адаптивным признакам.

Полиморфизм — адаптивная генетическая изменчивость, поддерживаемая различными формами отбора [7, 24].

Выявленные генетические различия, вероятно, связаны с экологическими особенностями ареалов популяций. Сельхозугодия СХП «Ваежский» расположены в лесотундровой пастбищно-географической зоне Чукотки. Растительная флора здесь разнообразнее, кормовые ресурсы богаче, природные и климатические условия более благоприятные для разведения оленей, чем в арктических тундрах побережья Северного ледовитого океана, где выпасаются олени СХП «Чаунское» (филиал «Айон»).

Сравнительный анализ хозяйственно значимых показателей животных двух популяций показал, что WAE (зона лесотундры) превосходит АОН (зона арктической тундры) по деловому выходу телят на 5,5 %, производству мяса с учетом прироста на 29,1 %, по живой массе половозрелых групп оленей — от 15,9 % до 31,9 %.

Сельскохозяйственные популяции северных оленей на Крайнем Северо-востоке Азии существуют в условиях постоянного воздействия экстремальных природных и климатических факторов, оказывающих определяющее влияние на генетическую структуру, фенотип и продуктивность животных [10, 26].

Территория Чукотского автономного округа занимает 738 000 кв. км, простирается на 1400 км с запада на восток (169°02' в.д.; 157° з.д.) и 900 км с севера на юг (71°30'; 62° с.ш.). Высокие широты, наличие обширных горных районов, соседство холодных вод Северного Ледовитого и Тихого океанов формируют климат региона. Чукотка лежит в арктическом и субарктическом климатических поясах земли [26, 27].

Географическое положение, ландшафтно-климатические условия оказывают влияние на генетическую структуру популяций оленей, которая несет адаптивный характер.

Состояние генного равновесия в популяциях проверяли с помощью равенства, вытекающего из фор-

мулы Харди-Вайнберга: $p^2q^2 = (2pq/2)^2$ [18]. Проведенными расчетами установлено, что исследованные популяции чукотской породы по выявленным локусам микросателлитов находятся в состоянии генного равновесия. Свободное спаривание, характерное для стадных животных, в том числе северных оленей, большое количество самцов, участвующих в воспроизводстве стада, являются факторами, стабилизирующими генетическую структуру популяций чукотской породы.

Заключение. В интервале 1-го года в двух экспериментальных популяциях чукотской породы выявлены статистически значимые различия по частотам ISSR-маркеров ДНК: в KAN по 7 локусам, HTR — по 4 из 11 выявленных.

В интервале одного поколения (5 лет) в трех популяциях чукотской породы выявлены различия по частотам ISSR-маркеров: WZR по 1 локусу, PLR — по 3 локусам, ZAR — по 4 из 11 выявленных.

С увеличением временного интервала между наблюдениями с 1 года до 5 лет роста изменений в частотах ISSR-маркеров и по числу локусов не отмечено. Во всех случаях популяции чукотской породы по выявленным локусам микросателлитов находились в состоянии генного равновесия. Факторами, стабилизирующими генетическую структуру популяций чукотской породы, являются свободное спаривание, характерное для стадных животных, в том числе северных оленей, большое количество самцов, участвующих в воспроизводстве стада.

На генетическую дифференциацию популяций оленей чукотской породы оказывает влияние межхозяйственный и межстадный обмен аллелофондом, проводимый в оленеводстве Чукотского АО.

Эколого-географические условия детерминируют частоту ISSR-маркеров в популяциях чукотской породы, тем самым являясь основным фактором внутривидовой дифференциации.

Учитывая, что численность оленей чукотской породы сокращается, необходим постоянный мониторинг ее генофонда, обеспечивающего устойчивость популяций.

Литература

1. Каныгин Б. Н. Продуктивные, морфологические особенности и размещение чукотского типа оленей в Магаданской области / Б. Н. Каныгин, Г. Я. Брызгалов // Науч.-техн. бюл. / СО ВАСХНИЛ. — 1984. — Вып. 9. — С. 38-52.
2. Мухачев А. Д. Племенная работа в северном оленеводстве / А. Д. Мухачев // Метод. рекомендации // ВАСХНИЛ. Сиб. отд-ние. НИИСХ Крайнего Севера. Новосибирск. — 1988. — 120 с.
3. 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.
4. 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.

5. Pritchard J. K. Inference of population structure using multilocus genotype data / J. K. Pritchard, M. Stefens, P. Donnelly // *Genetics*. — 2000. — № 155. — P. 945-959.
6. Шмальгаузен И. И. Пути и закономерности эволюционного процесса / И. И. Шмальгаузен // *Избранные труды*. — М.: — Наука. — 1983. — 360 с.
7. Шубин П. Н. Биохимическая и популяционная генетика северного оленя / П. Н. Шубин, Э. А. Ефимцева // Л.: Наука. — 1988. — 101 с.
8. Южаков А. А. Особенности пороодообразования в северном оленеводстве / А. А. Южаков // *Наука — оленеводству: сб. науч. тр. РАСХН, Сиб. отд-ние. Якут. НИИСХ*. — Вып. 3. — Якутск. — 2005. — С. 105-114.
9. Южаков А. А. Особенности наследования живой массы у домашних северных оленей / А. А. Южаков // *Зоотехния*. — 2005. — № 6. — С. 11-12.
10. Баскин Л. М. Северный олень. Экология и поведение / Л. М. Баскин. М.: Наука. — 1970.
11. Устинов В. И. Оленеводство Магаданской области / В. И. Устинов. — Магадан: Магаданское книжное изд-во. — 1969. — 127 с.
12. Помишин С. Б. Проблема породы и ее совершенствования в оленеводстве / С. Б. Помишин // Якутск: Кн. изд-во. — 1981. — 180 с.
13. 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.
14. Зиновьева Н. А. Методические рекомендации по использованию метода полимеразной цепной реакции в животноводстве / Зиновьева Н. А., Попов А. Н., Эрнст Л. К. [и др.] // Дубровицы: — ВИЖ. — 1988. — 47 с.
15. Вейр Б. Анализ генетических данных / Б. Вейр // М.: Мир. — 1995. — 319 с.
16. 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.
17. Меркурьева Е. К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных / Е. К. Меркурьева // М.: «Колос». — 1970. — 422 с.
18. Меркурьева Е. К. Генетические основы селекции в скотоводстве / Е. К. Меркурьева // М.: «Колос». — 1977. — 239 с.
19. Барсов П. М. Система ведения оленеводства в Магаданской области. Рекомендации / Сост. П. М. Барсов, Н. Ф. Белый, Г. Я. Брызгалов [и др.] // Новосибирск. — 1986. — 251 с.
20. Гончаров В. В. Оценка генетического разнообразия северного оленя (*Rangifer tarandus*) с помощью мультилокусного ДНК-фингерпринтинга / В. В. Гончаров, О. В. Митрофанова, Н. В. Дементьева [и др.] // *Доклады РАСХН*. — 2011. — № 5. — С. 36-39.
21. Cronin V. A. Genetic variation in domestic reindeer and wild caribou (*Rangifer tarandus*) / V. A. Cronin, J. C. Patton, M. D. Macneil // *J. Animal Sci.* — 2002. — Vol.80. — №2. — P. 106-110.
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, M. D. Macneil, C. John // *J. Heredity*. — 2006. — Vol. 97. — №5. — P. 525-530.
23. Gote S. D. Microsatellite DNA evidence for genetic drift and philopatry in Svalbard reindeer / S. D. Gote, J. F. Dallas, F. Marshall, R. J. Irvine, R. Langvatn, S. D. Albon // *Mol. Ecol.* — 2002. — Vol. 11. — № 10. — P. 1923-1930.
24. Айала Ф. Х. Введение в популяционную и эволюционную генетику / Ф. Х. Айала // М.: 1984. — 232 с.
25. Ли Ч. Введение в популяционную генетику / Перевод с англ. // Изд-во «Мир». М.: 1978. — 555 с.
26. Хлыновская Н. И. Агроклиматические основы сельскохозяйственного производства севера / Н. И. Хлыновская // Л.: Гидрометеиздат. — 1982. — 119 с.
27. Голубчиков Ю. Н. География Чукотского автономного округа. [Учебник] // Правительство Чукотского АО; Главное управление образования Чукотского АО. — 2003. — 318 с.

Bryzgalov G., Ignatovich L.

Variability of Genetic Parameters of Reindeer Populations of the Chukchi Breed in time and geographical area

Abstract.

Purpose: Studying the genetic parameters of the population of the Northern Deer of the Chukotka breed according to fragments of molecular multi -cosmic analysis of DNA.

Materials and methods. The northern deer, participating in the experiment year -round grazed on natural pastures without additional feeding. The material for the research was the fabric samples (faster of the auricle) of deer of different sexual age groups. Sampling was carried out by a random method from clinically healthy animals during coral work. Analytical work was carried out in the laboratory of DNA technologies of the All-Russian Research Institute of Tribal case using ISSR-PCR method according to the primer (AG) 9C. DNA allocation and PCR production was carried out with generally accepted methods. For calculations, DNA fragments from 180 to 1400 pp were used, clearly distinguishable visually and form pronounced peaks during computer scanning of gels.

Results. Statistically significant differences between populations in the frequencies of ISSR markers were found in the interval of 1 year in 4-7 loci of 11 identified, through generation-from 1 to 4 loci. With an increase in the temporary interval between observations from 1 year to 5 years, changes in the genome by the number of loci and in the frequencies of ISSR markers were not noted. In all cases, the populations of microsatellites identified were in a state of gene equilibrium. Factors stabilizing the genetic structure of the population of the Chukotka breed are free mating characteristic of the northern deer, a significant number of males participating in the reproduction of the herd. Between populations from various ecological and geographical areas of Chukotka, 6 locus (54.5% of cases) have statistically significant differences in the frequencies of ISSR markers. The population in the Arctic tundra area exceeded the population from the forest tundra along short loci (180-210 pp) and (330-350 pp) at $p < 0.001$, locals of medium length (350-430 pp) < 0.05 . In turn, the forest-tundra population exceeded the Arctic population in long loci (700-1300 pp) at $p < 0.001$. Ecological and geographical conditions determine the frequency of ISSR markers in the populations of the Chukchi breed, thereby, being a factor in intraspecific differentiation. Considering that the number of Chukotka breed deer is reduced, constant monitoring of the gene pool is needed. The research was carried out with the financial support of the RFBR in the framework of scientific project No. 20-316-90042.

Key words: Reindeer; Chukchi breed; populations; geographical area; ISSR markers; frequency; time intervals; influence; monitoring.

Authors:

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

Ignatovich L. – Research ; e-mail: agrarian@maglan.ru.

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

References

1. Kanygin B. N. productive, morphological features and placement of the Chukchi type of deer in the Magadan region / B. N. Kanygin, G. Ya. Bryzgalov // Scientific and technical bulletin. – 1984. – Issue. 9. – P. 38-52.
2. Mukhachev A. D. Tribal work in the northern reindeer husbandry / A. D. Mukhachev // Method. Recommendations // Vaskhnil. Sib. Department. NIIISH of the Far North. Novosibirsk. – 1988. – 20 p.
3. Zinovieva N. A. Genetic examination of agricultural animals: the use of test systems based on microsatellites / N. A. Zinoviev, E. A. Gladir // Achievements of the science and technology of the agro-industrial complex. – 2011. – № 9. – P. 19-20.
4. Krutikova A. A. Promising genes to improve the indicators of meat productivity in reindeer husbandry (review) / A. A. Krutikova, N. V. Dementiev, O. V. Mitrofanov // Genetics and breeding of animals. – 2017. – № 1. – P. 31-35.
5. Pritchard J. K. Inference of population structure using multilocus genotype data / J. K. Pritchard, M. Stephens, P. Donnelly // Genetics. – 2000. – № 155. – P. 945-959.

6. Schmalgauzen I. I. Paths and patterns of the evolutionary process / I. I. Shmalgauzen // Selected works. — M.: — Science. — 1983. — 360 p.
7. Shubin P. N. Biochemical and population genetics of the Northern Deer / P. N. Shubin, E. A. Efimtseva // L.: Science. — 1988. — 101 p.
8. Yuzhakov A. A. Features of rock formation in northern reindeer husbandry / A. A. Yuzhakov // Science - Reindeer Hurry: Sat. scientific. tr. Rash, sib. Department. Yakut. NIIISH. — Issue. 3. — Yakutsk. — 2005. — P. 105-114.
9. Yuzhakov A. A. Features of the inheritance of live weight in domestic northern deer / A. A. Yuzhakov // Zootechnia. — 2005. — № 6. — P. 11-12.
10. Baskin L. M. North deer. Ecology and behavior / L. M. Baskin. M.: Science. — 1970.
11. Ustinov V. I. Reindeer husbandry of the Magadan region / V. I. Ustinov. — Magadan: Magadan Book Publishing House. — 1969. — 127 p.
12. Komin S. B. The problem of the breed and its improvement in reindeer husbandry / S.B. Brayshin // Yakutsk: Prince. Publishing House. — 1981. — 180 p.
13. 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.
14. Zinovieva N. A. Methodological recommendations on the use of the method of polymerase chain reaction in animal husbandry / Zinovieva N. A., Popov A. N., Ernst L. K. [et al.] // Dubrovitsa: — VIZH. — 1988. — 47 p.
15. Weir B. Analysis of genetic data / B. Weir // M.: World. — 1995. — 319 p.
16. Zhivotovsky L. A. Statistical methods of analysis of the frequencies of genes in natural populations / L. A. Zhivotovsky // Results of science and technology: General genetics // M.-1983. — P. 76-104.
17. Merkuryeva E. K. Biometry in the Selection and Genetics of Agricultural Animals / E.K. Merkuryeva // M.: "Kolos". — 1970. — 422 p.
18. Merkuryeva E.K. The genetic foundations of selection in cattle breeding / E.K. Merkuryeva // M.: "Kolos". — 1977. — 239 p.
19. Barsov P.M. The system of maintenance of reindeer husbandry in the Magadan region. Recommendations / Comp. P. M. Barsov, N. F. Bely, G. Ya. Bryzgalov [et al.] // Novosibirsk. — 1986. — 251 p.
20. Goncharov V. V. Assessment of the genetic diversity of the northern deer (*Rangifer Tarandus*) using multi-bout-bustic DNA-fingerprinting / V. V. Goncharov, O. V. Mitrofanov, N. V. Dementieva [et al.] // Reporting reports. — 2011. — № 5. — P. 36-39.
21. Cronin V. A. Genetic variation in domestic reindeer and wild caribou (*Rangifer tarandus*) / V. A. Cronin, J. C. Patton, M. D. Macneil // J. Animal Sci. — 2002. — Vol.80. — №2. — P. 106-110.
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, M. D. Macneil, C. John // J. Heredity. — 2006. — Vol. 97. — №5. — P. 525-530.
23. Gote S. D. Microsatellite DNA evidence for genetic drift and philopatry in Svalbard reindeer / S. D. Gote, J. F. Dallas, F. Marshall, R. J. Irvine, R. Langvatn, S. D. Albon // Mol. Ecol. — 2002. — Vol. 11. — № 10. — P. 1923-1930.
24. Ayala F. Kh. Introduction to population and evolutionary genetics / F. Kh. Ayala // M.: 1984. — 232 p.
25. C. Introduction to population genetics / translation from English // Publishing House "Mir". M.: 1978. — 555 p.
26. Khlynovskaya N. I. Agroclimatic foundations of the agricultural production of the North / N. I. Khlynovskaya // L.: Hydrometeoizdat. — 1982. — 119 p.
27. Golubchikov Yu. N. Geography of the Chukchi Autonomous Okrug. [Textbook] // Government of the Chukchi AO; The Main Directorate of the Education of the Chukchi Autonomous Okrug. — 2003. — 318 p.