

Оценка генетического потенциала оленей ненецкой породы с целью создания технологий направленных селекционных процессов в северном оленеводстве

М. А. Максимчик

Ямальская опытная станция Тюменского научного центра СО РАН,
г. Тюмень

maxim.maksimchik@gmail.com

Аннотация

Северное оленеводство – ведущая отрасль животноводства на Крайнем Севере России, которая является одной из древнейших форм хозяйственной деятельности и источником доходов коренных народов. Рентабельность оленеводства, как и любой отрасли животноводства, во многом зависит от эффективности селекционно-племенной работы. Несмотря на огромные достижения в генетике и селекции, информационных технологий, племенная работа в северном оленеводстве ведется устаревшими, традиционными методами. Для дальнейшего развития оленеводства необходимо совершенствовать уровень племенной работы за счет применения современных методов селекции и разведения. Такими подходами являются внедрение и использование в оленеводстве маркер-ассоциированной и геномной селекций. Генофонды популяций северных оленей формируются в результате микроэволюционных процессов, в основном дрейфа генов при реализации случайных спариваний особей, давления естественного отбора и антропогенных технологических факторов. В результате миграции особей из других стад и хозяйств, скрещивания с дикими особями, неконтролируемой элиминации животных генетические процессы в популяциях трудно поддаются прогнозу. Тем не менее для оценки генетического разнообразия, минимизации инбридинга в процессе разведения возникает необходимость проведения генетического анализа популяций (пород, стад) северных оленей. При этом выборочная оценка должна осуществляться прижизненно преимущественно по особям, которые представляют репродуктивную ценность и внесут существенный вклад в формирование будущего генофонда. В представленной статье проведена оценка внутрипопуляционной генетической дифференциации стада северных оленей ненецкой породы.

Ключевые слова:

северные олени, ненецкая порода, генотип, генетическая дифференциация, микросателлиты, селекция, фенотип

Evaluation of the genetic potential of the Nenets reindeer breed for creation of the technologies of directed selection processes in northern reindeer herding

M. A. Maksimchik

Yamal Experimental Station of the Tyumen Science Center SB RAS,
Tyumen

maxim.maksimchik@gmail.com

Abstract

Northern reindeer herding is the leading branch of animal husbandry in the Russian Far North, which is one of the oldest forms of economic activity and a source of income for indigenous peoples. The profitability of reindeer herding, like any branch of animal husbandry, largely depends on the efficiency of selection and breeding work. In spite of the enormous achievements in genetics and selection, in information technologies, the breeding work in northern reindeer herding is carried out by outdated common methods. The further development of reindeer herding requires improving the level of breeding work through the use of modern selection and breeding methods. The new approaches include introduction and use of marker-associated and genomic selection in reindeer herding. The gene pools of reindeer populations are formed as a result of microevolutionary processes, mainly gene drift against random mating of individuals, pressure of natural selection, and anthropogenic technological factors. As a result of migration of individuals from other herds and farms, crossbreeding with wild individuals, uncontrolled elimination of animals, genetic processes in populations are difficult to predict. However, to assess the genetic diversity and minimize inbreeding, it is necessary to conduct the genetic analysis of reindeer populations (breeds, herds). Sample estimation should be carried out live-animal, mainly for individuals that are reproduction-valuable and will make a significant contribution to the formation of the future gene pool. This article gives an assessment of intrapopulation genetic differentiation of herd of the Nenets reindeer breed.

Keywords:

reindeer, Nenets breed, genotype, genetic differentiation, microsatellite, selection, phenotype

Введение

Оленеводство на Российском Севере на протяжении многих веков служит ключевым источником мяса, шерсти, меха и кожевенных материалов. Домашние северные олени, разводимые местным населением, стали основным средством передвижения, что дало возможность освоить удаленные северные районы. В медицине используются различные продукты оленеводства, такие как рога и панты, сыворотка крови, органы внутренней секреции и прочие внутренние органы.

Северное оленеводство в России, как и любая другая отрасль сельского хозяйства, нуждается в поддержке со стороны государства и сталкивается с нехваткой квалифицированных специалистов, особенно в области селекционно-племенной работы.

Цель исследований – получить экспериментальные данные для создания технологий направленной селекции в северном оленеводстве.

Основные задачи: провести анализ перспективности развития северного оленеводства в Ямало-Ненецком автономном округе (ЯНАО) и Арктической зоне (АЗ) Российской Федерации (РФ); изучить структуру стада и фенотипические характеристики различных половозрастных групп северных оленей ненецкой породы; дать генетическую оценку экспериментального стада северных оленей Ямальской опытной станции (ЯОС).

Материалы и методы

Работа проведена в Приуральском районе ЯНАО на опытном (экспериментальном) стаде домашних северных оленей (ненецкая порода уральского экотипа) ЯОС – обособленного подразделения ФГБУН ФИЦ Тюменского научного центра СО РАН. По основным инфекционным заболеваниям опытное стадо благополучно имеет многолетний постоянный маршрут калания в Приуральском районе. При проведении исследований использованы архивные материалы и литературные источники, материалы исполнительных органов государственной власти ЯНАО в области статистики и сельского хозяйства, а также сведения из ранее проведенных научно-исследовательских работ по соответствующей тематике. Для выявления тенденций изменения поголовья оленей в ЯНАО и АЗ РФ применялись методы анализа, синтеза, сравнения и обобщения. Для наглядного представления статистической информации применяли графический и табличный методы. Информационной базой исследования послужили данные Федеральной службы государственной статистики. Методика исследований также включала совокупность зоотехнических, генетических, биохимических, селекционных, ветеринарных и статистических методов. Популяционно-генетические параметры и хозяйственно-полезные признаки оценивали классическими методами с использованием корреляционного, регрессионного и дисперсионного анализов.

Исследованию подлежали северные олени в возрасте от 6 месяцев до 7 лет. Возраст определяли по состоянию зубов, внешнему виду, а также данным зоотехнического

учета. Оценка экстерьера и упитанности – глазомерно, согласно «Инструкции по бонитировке северных оленей». Все обследованные олени имели индивидуальные ушные номера (телятам присвоили номера при бонитировке). Для определения фенотипических особенностей оленей проводили взвешивание на площадочных электронных весах. С помощью мерных циркуля и палки, а также ленты устанавливали промеры с точностью до 1 см: высота в холке и крестце, косая длина туловища, обхват пясти, глубина груди, ширина груди за лопатками, обхват груди, косая длина зада, ширина в маклоках и седалищных буграх, длина и ширина головы.

Во время бонитировки от животных брали биологический материал (кусочек ушного хряща) для последующих генетических исследований. Отбор, упаковку и доставку собранных образцов для генетического анализа и оценки генетического разнообразия домашних северных оленей осуществляли в герметичных контейнерах, биксах и сумках-холодильниках с сопроводительными документами, оформленными в соответствии с ГОСТ 57343-2016, «Правилами генетической экспертизы племенного материала крупного рогатого скота» (рассмотрены и одобрены на Научно-техническом совете Минсельхоза России (протокол № 27 от 29 октября 2002 г.)).

При проведении исследований использовали оборудование ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста, в том числе анализ отобранного генетического материала. Выделение ДНК проводили с помощью наборов для выделения геномной ДНК серии «ДНК-Экстран» (ЗАО «Синтол», Россия), в соответствии с протоколом фирмы-производителя. Анализ полиморфизма осуществляли по отношению к девяти STR-локусам: NVHRT21, NVHRT24, NVHRT76, RT1, RT6, RT7, RT9, RT27, RT30. Полимерную цепную реакцию (ПЦР) проводили в конечном объеме 15 мкл. Реакционная смесь состояла из 1,5 мкл 10x, 1,5 мкл 2мМ раствора dNTPs, 10 мМ смеси праймеров, 0,1 мкл (1UE) Taq-полимеразы («Диалат ЛТд», Россия), к которой добавляли 1 мкл (50-100 нг) геномной ДНК. Состав ПЦР буфера: 16,6 мМ (NH₄)₂SO₄, 67,7 мМ Трис-HCl (pH = 8,8), 0,1 объема Tween 20. После начальной денатурации (95° С, 7 мин) проводили 40 циклов амплификации в следующем температурно-временном режиме: 95° С, 60 с; 58° С, 60 с; 72° С, 60 с. 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.

Также часть молекулярно-генетических исследований проводили в Российской инновационной биотехнологической компании ООО «Гордиз» (г. Москва). Для этого выделение ДНК осуществляли с использованием набора «DNeasy Blood & Tissue Kit» (Qiagen, Германия), генотипирование выполнено по 16 микросателлитным локусам (Rt6, BMS1788, Rt30, Rt1, Rt9, Rt7, Rt24, FCB193, BMS745, NVHRT16, OheQ, C217, C32, T40, C276, C143) с помощью набора «COrDIS

Reindeer» (ООО «Гордиз», Россия) методом мультиплексного ПЦР-анализа с последующей детекцией флуоресцентно-меченых фрагментов в условиях капиллярного электрофореза. Специфичность генотипирования проверяли, используя контрольные образцы, входящие в состав набора.

На основе установленного микросателлитного профиля по 16 локусам исследуемую выборку северных оленей в программе Structure 2.3.4 (Pritchard Lab, Stanford University, USA) подразделяли от 2 до 10 кластеров. Уровень кластеризации, обеспечивающий максимальную внутреннюю однородность и внешнюю дифференциацию, использовали для деления животных на группы в зависимости от апостериорной вероятности (Q) принадлежности к кластерам. Из особей, вероятность членства которых в конкретном кластере была максимальной, сформировали группы. С применением программы GenAlEx 6.503 [1] по группам, выделенным в каждом кластере, определили основные генетические параметры: число наблюдаемых (N_A) и эффективных (N_E) аллелей, индекс Шеннона (I), уровень наблюдаемой (H_O) и ожидаемой (H_E) гетерозиготности, индексы фиксации (F_{is} , F_{st}), число частных аллелей, их частоту (q) и сумму частот (Σq). Генетические дистанции между кластерами (k) и популяцией в целом (Pop) рассчитали различными способами: D_N , uD_N , G_{st} , G'_{st} , G''_{st} , D_{est} [2, 3].

Статистический анализ проведен путем вычисления среднего арифметического и стандартной ошибки, досто-

верность различий сравниваемых величин установлена при применении t-критерия Стьюдента с использованием пакета программ Microsoft Office Excel [4].

Результаты и их обсуждение

Половозрастная структура и фенотипическая характеристика экспериментального стада северных оленей Ямальской опытной станции

Северное оленеводство отличается замкнутым циклом воспроизводства, благодаря чему в каждом стаде представлены все возрастные и половые категории животных. Ключевым экономическим аспектом для достижения максимального валового производства и эффективного воспроизводства поголовья является правильное соотношение различных половозрастных групп. Структура стада во многом зависит от срока использования взрослого поголовья (самцов, важенок и ездовых быков). В связи с этим, на первом этапе была проведена оценка структуры стада ЯОС с рекомендуемыми показателями (табл. 1 и 2).

Анализ половозрастной структуры стада свидетельствует, что в хозяйстве наблюдается дефицит маточного поголовья. Так, суммарное количество важенок и нетелей составляет 47,6 %, что ниже рекомендуемого показателя на 14,4 %. Указанное несоответствие обусловлено увеличением количества быков-кастратов (на 3,7 %), третьяков (на 4,5) и телят-самцов (на 5,3 %). В свою очередь, смещение половой структуры стада в сторону преобладания самцов негативно сказывается на количестве получаемого молодняка, а также увеличивает конкуренцию между производителями. Поэтому одним из подходов улучшения селекционно-племенной работы в стаде является оптимизация его половозрастной структуры путем своевременной направленной выбраковки тех или иных особей.

В табл. 3 представлена фенотипическая характеристика стада северных оленей ненецкой породы ЯОС по результатам бонитировки, проведенной в 2023 г. Анализируя цифровые значения, можно констатировать, что важенки, по сравнению с хорами, имеют меньшую на 1,9 см ($p \leq 0,01$) длину головы, на 4,5 см ($p \leq 0,001$) высоту в холке, на 4,9 см высоту в крестце ($p \leq 0,001$), на 0,8 см обхват пясти ($p \leq 0,001$) и на 2,4 см длину таза ($p \leq 0,05$).

Самцы второго года (третьяки) уступали хорам лишь по ширине головы (на 1,0 см; $p \leq 0,001$) и груди (на 4,1 см; $p \leq 0,001$). Таким образом, можно заключить, что третьяки по ряду показателей соответствуют взрослым животным и представляют физиологически зрелых особей. Вместе с этим, необходимо учитывать, что на момент проведения бонитировки хоры находятся в истощенном состоянии после гона и не отражают истинного потенциала набора массы, поэтому, на наш взгляд, для определения генетических возможностей мясной продуктивности также имеет целесообразность фенотипическая оценка быков-кастратов.

Телята, рожденные в 2023 г., не имели достоверных различий в зависимости от пола, а их живая масса составляла 53–56 % от массы взрослых особей. Таким образом, можно констатировать, что основной набор массы тела у молодняка происходит в первые полгода постнаталь-

Таблица 1
Рекомендуемая структура стада северных оленей для товарных хозяйств [5]

Table 1
Recommended structure of the reindeer herd for commercial farms [5]

Половозрастные группы	В процентах к общему количеству оленей на начало года	
	Короткие кочевки	Длинные кочевки
Важенки	53	52
Нетели	10	10
Телеваженки	12	10
Телехоры	6	6
Третьяки	4	4
Быки-производители	3	3
Быки-кастраты	12	15

Таблица 2
Половозрастная структура стада северных оленей Ямальской опытной станции на август 2024 года

Table 2
Age and sex structure of the reindeer herd at the Yamal Experimental Station for August 2024

Половозрастные группы	n	%
Важенки	378	42,6
Нетели	44	5,0
Телеваженки	104	11,7
Телехоры	100	11,3
Третьяки	75	8,5
Быки-производители	20	2,3
Быки-кастраты	166	18,7
Итого	887	100,0

Таблица 3
Фенотипическая характеристика северных оленей Ямальской опытной станции по результатам бонитировки в 2023 году

Table 3
Phenotypic characteristics of reindeer at the Yamal Experimental Station by the quality indicators in 2023

Показатель	Хоры (n=10)	Третьяки (n=10)	Телехоры (n=10)	Важенки (n=40)	Телеваженка (n=10)
Длина головы, см	35,6±0,7	35,9±0,7	27,1±0,5	33,7±0,2**	27,2±0,5
Ширина головы, см	12,0±0,2	11,0±0,2 ***	9,7±0,3	11,4±0,1	9,5±0,4
Высота в холке, см	97,5±0,4	97,4±1	85,7±1,7	93,0±0,5 ***	83,4±1,2
Высота крестец, см	97,3±0,7	96,6±1,3	84,7±1,6	92,4±0,4 ***	80,6±1,3
Ширина груди, см	24,5±0,9	20,4±0,4 ***	17,8±1,1	22,4±0,2 ***	16,8±0,7
Глубина груди, см	37,0±1,1	36,1±1,1	29,0±1,1	36,9±0,3	30,6±0,7
Обхват груди, см	113,1±2,7	112,9±1,0	93,6±1,5	112,7±0,7	92,5±1,3
Косая длина туловища, см	94,1±2,3	98,8±2,6	75,1±3,4	95,8±0,7	77,0±2,1
Обхват пясти, см	12,0±0,3	11,9±0,2	9,2±0,4	11,2±0,1***	20,3±10,7
Полуобхват таза, см	34,9±1,4	37,4±1,5	30,5±0,9	34,2±0,5	31,4±1,7
Ширина в маклаках, см	21,8±0,5	20,4±0,4	16,2±0,5	22,1±0,2	16,5±0,5
Ширина в седалищных буграх, см	11,3±0,3	10,7±0,3	9,9±0,3	11,6±0,2	20,9±11,6
Ширина в тазобедренном сочленении, см	23,0±1,1	23,0±1,0	18,1±0,5	23,8±0,2	19,7±1,0
Длина таза, см	33,1±1,1	31,1±0,7	22,9±1,5	30,7±0,4*	24,0±0,7
Живая масса, кг	85,4±4,9	83,6±4,1	45,5±1,6	80,0±1,2	45,6±1,7

Примечание. Различия достоверны: * $p \leq 0,05$; ** $p \leq 0,01$; *** $p \leq 0,001$ по отношению к хорам.
Note. Differences are reliable at * $p \leq 0,05$; ** $p \leq 0,01$; *** $p \leq 0,001$ for males.

ного онтогенеза, индивидуальная вариабельность которого зависит от ряда факторов: времени рождения (ранний или поздний отел), молочности важенки, состояния здоровья как матери, так и самого теленка, генетической наследственности и т. д. Стоит отметить, что для оценки истинного генетического потенциала животных указанные паратипические факторы в условиях северного оленеводства практически невозможно в полной мере учесть и исключить, поэтому без должного племенного учета внедрение современных подходов селекции северных оленей невозможно.

В табл. 4 представлены результаты бонитировки телят, рожденных в 2024 г. Установлено, что самцы превосходят телеваженок на 0,8 см по длине головы ($p \leq 0,05$), на 2,1 см по высоте в холке ($p \leq 0,05$), на 2,2 см по ширине в тазобедренном сочленении ($p \leq 0,05$) и на 2,6 кг по живой массе ($p \leq 0,05$). Сравнивая результаты бонитировки за последние два года, можно заключить, что телята, рожденные в 2024 г., по ряду показателей уступают молодняку, полученному в 2023 г. Так, масса телеваженок была ниже на 8,7 кг ($p \leq 0,001$), а телехоров – на 5,6 кг ($p \leq 0,001$). Основной причиной такой значительной разницы, вероятно, стали неблагоприятные климатические условия во время отела, затянувшаяся весна и поздние сроки вегетации растительности, что не дало возможности молодым животным достаточно набрать массу.

Вместе с этим, стоит отметить, что при рассмотрении показателей между индивидуу-

мами выявлена значительная вариабельность признаков. Так, по массе тела среди телеваженок наблюдались различия, достигающие 73,6 % (диапазон находился в пределах от 26,5 до 46,0 кг), а по телятам-самцам – до 94,8 % (диапазон в пределах от 26,7 до 52,0 кг). Полученные данные требуют глубокого анализа для выявления факторов, приводящих к такому значительному расхождению по массе тела.

Согласно полученным промерам, у молодняка были рассчитаны основные индексы телосложения (табл. 5). Установлено, что самки обладают более растянутым телосложением при меньшей компактности и массивности. Тазо-грудной индекс как косвенный маркер мясной продуктивности был более выраженным у самцов, которым также была свойственна большая шилозадость.

В целом, проведенный фенотипический анализ свидетельствует, что исследуемая популяция имеет типичное для уральского экотипа ненецкой породы телосложение.

Таблица 4
Генетическая характеристика экспериментального стада северных оленей в зависимости от половой принадлежности

Спаривание одомашненных северных оленей, как правило, осуществляется случайным образом, а генофонд их популяций формируется под влиянием естественных условий среды. Миграция особей из различных стад и хозяйств, а также возможность скрещивания с дикими оленями и неконтролируемая элиминация животных создают сложности в прогнозировании генетических процессов в популяциях. Поэтому для анализа генетического раз-

Таблица 4
Фенотипическая характеристика телят ненецкой породы Ямальской опытной станции по результатам бонитировки в 2024 году

Table 4
Phenotypic characteristics of calves of the Nenets breed at the Yamal Experimental Station by the quality indicators in 2024

Показатель	Телехоры (n=33)	Телеваженки (n=47)	Разница	Достоверность (P)
Длина головы, см	26,5±0,4	25,7±0,2	0,8	0,042
Ширина головы, см	9,8±0,1	9,8±0,1	0,0	0,945
Высота в холке, см	78,9±0,7	76,8±0,6	2,1	0,041
Высота крестец, см	77,9±1,5	76,0±1,0	1,9	0,296
Ширина груди, см	20,6±0,5	20,3±0,4	0,3	0,653
Глубина груди, см	30,9±0,4	30,1±0,3	0,8	0,110
Обхват груди, см	90,7±1,6	90,5±0,7	0,2	0,898
Косая длина туловища, см	70,5±0,7	70,7±0,8	-0,2	0,871
Четверть обхвата таза, см	10,6±0,4	10,1±0,3	0,5	0,275
Ширина в маклаках, см	18,6±0,8	18,7±0,7	0,0	0,973
Ширина в седалищных буграх, см	9,0±0,3	9,3±0,2	-0,3	0,473
Ширина в тазобедренном сочленении, см	24,9±0,6	22,7±0,6	2,2	0,028
Живая масса, кг	39,9±0,9	37,3±0,7	2,6	0,039

Таблица 5
Индексы телосложения телят, рассчитанные по результатам бонитировки 2024 года

Table 5
Physique indices of calves calculated by the quality indicators of 2024

Индекс	Телехоры	Телеваженки
Растянутости	0,903±0,012	0,925±0,016
Сбитости	1,269±0,031	1,285±0,014
Массивности	1,141±0,027	1,180±0,009
Тазо-грудной	1,130±0,034	1,124±0,042
Грудной	0,666±0,015	0,676±0,015
Перерослости	0,993±0,014	0,992±0,008
Шилозадости	2,066±0,074	2,040±0,085

нообразия и снижения уровня инбридинга в процессе разведения необходимо проводить популяционно-генетические исследования отдельных стад одомашненных северных оленей. В этом контексте важно, чтобы выборка преимущественно включала особей, обладающих репродуктивной ценностью, которые смогут существенно повлиять на формирование будущего генофонда.

При воспроизводстве бисексуальных видов генетическое разнообразие популяции определяется полом, представленным с меньшей численностью и эффективной величиной популяции. В оленеводстве отношение половозрелых самцов к самкам колеблется в широких пределах в зависимости от внешних условий, направления и сложившихся традиций ведения отрасли. В нашем исследовании численность генотипированных самцов и самок составила соответственно 49 и 253 животных или 165 эффективных особей, что в три раза больше минимального эффективного размера популяции, необходимого для снижения вероятности нарастания инбридинга и дрейфа генов.

Исходя из сказанного выше, нами с использованием микросателлитных маркеров была проведена сравнительная оценка генетического разнообразия северных оленей ЯОС в зависимости от половой принадлежности. В результате исследования установили (табл. 6), что по локусу NVHRT76 между самцами и самками наблюдается достоверное ($p \leq 0,05$) несоответствие частот аллеля NVHRT76⁹⁷. Этот аллель выявлен у 13,4 % важенок, тогда как у хоров его частота составляла 3,1 %. По локусу аллель RT30¹⁸⁸ встречался в 2,5 раза чаще у хоров ($p \leq 0,001$), тогда как аллель RT30202, наоборот, в 8,4 раз реже ($p \leq 0,001$). Особо стоит отметить микросателлиту RT30¹⁹⁰, частота распространения которого у важенок составила 0,320, а у самцов он не был обнаружен. Аллель NV21¹⁷⁰ встречался у хоров с частотой 0,02, у самок – 0,215 ($p \leq 0,001$). Локус RT9 характеризовался большей распространенностью среди важенок tandemных повторов RT9¹²⁰ и RT9¹²⁸, тогда как среди самцов наиболее часто встречался RT9¹²⁶ (0,969 против 0,628; $p \leq 0,001$). По локусу RT27 достоверная разница ($p \leq 0,05$) установлена в отношении микросателлита RT27¹³³, который не был выявлен у хоров, а среди важенок встречался с частотой 0,049.

В табл. 7 показаны ДНК-микросателлиты, выявленные среди важенок и не обнаруженные среди самцов. Уста-

Таблица 6
Характеристика частот ДНК-микросателлитов у северных оленей ненецкой породы в зависимости от пола

Table 6
Characterisation of DNA microsatellite frequencies in reindeer of the Nenets breed depending on sex

Ал- лель	q		Ал- лель	q		Ал- лель	q	
	Хоры	Важен- ки		Хоры	Важен- ки		Хоры	Важен- ки
NVHRT76			RT30			NV21		
91	0,000	0,006	188	0,663	0,267***	158	0,051	0,022
95	0,000	0,022	190	0,000	0,320***	160	0,122	0,128
97	0,031	0,134*	192	0,020	0,008	162	0,051	0,016
99	0,000	0,006	194	0,000	0,010	164	0,082	0,049
101	0,000	0,006	198	0,041	0,014	166	0,306	0,211
103	0,000	0,002	200	0,204	0,144	168	0,265	0,251
105	0,194	0,099	202	0,020	0,168***	170	0,020	0,215***
107	0,510	0,375	204	0,000	0,004	172	0,102	0,103
109	0,255	0,294	208	0,010	0,020	174	0,000	0,004
111	0,010	0,055	210	0,041	0,040	RT7		
RT6			212	0,000	0,006	116	0,000	0,002
101	0,010	0,022	NVHRT24			216	0,031	0,024
103	0,082	0,103	147	0,000	0,004	218	0,020	0,069
105	0,276	0,235	149	0,041	0,069	220	0,500	0,385
107	0,031	0,042	151	0,276	0,209	222	0,082	0,146
109	0,071	0,043	153	0,500	0,496	224	0,031	0,053
111	0,051	0,061	155	0,000	0,016	226	0,020	0,016
113	0,051	0,059	157	0,184	0,206	228	0,153	0,136
115	0,388	0,397	RT1			230	0,153	0,132
117	0,041	0,036	223	0,082	0,103	232	0,010	0,032
119	0,000	0,002	225	0,163	0,119	234	0,000	0,004
RT9			227	0,163	0,111	RT27		
116	0,000	0,020	229	0,122	0,166	133	0,000	0,049*
118	0,010	0,069	231	0,010	0,026	135	0,367	0,403
120	0,010	0,071*	233	0,000	0,008	137	0,000	0,006
122	0,010	0,059	235	0,153	0,134	139	0,296	0,247
124	0,000	0,020	237	0,051	0,105	141	0,010	0,034
126	0,969	0,628***	239	0,092	0,091	143	0,000	0,004
128	0,000	0,085***	241	0,143	0,113	145	0,102	0,059
130	0,000	0,026	243	0,010	0,004	147	0,143	0,125
132	0,000	0,022	245	0,010	0,022	149	0,082	0,073

Примечание. Различия достоверны: * $p \leq 0,05$; *** $p \leq 0,001$ по отношению к хорам.

Note. Differences are reliable at * $p \leq 0,05$; *** $p \leq 0,001$ for males.

новлено, что в общей сложности среди исследуемого массива животных выделено 24 коротких tandemных повтора, которые были характерны только для самок. Приват-аллели присутствовали по всем девяти анализируемым локусам со средней частотой 0,073. Максимальное различие сумм частот наблюдалось по RT30 (0,340) и RT9 (0,173), а минимальное – по RT6 (0,002).

Полокусный анализ соответствия наблюдаемых и ожидаемых генотипов, согласно закону Харди-Вайнберга, показал, что наибольшее сходство фактического и теоретического распределения генотипов у обоих полов наблюдалось по локусу NVHRT24, максимальное расхождение у хоров – по RT6, а у важенок – по RT30. Несоответствие частот генов у самцов и самок является одной из

Таблица 7
Приват-аллели по девяти анализируемым микросателлитным локусам, встречающиеся среди важенок и не обнаруженные у хоров

Table 7
Private alleles for nine analysed microsatellite loci found among reindeer females and not found among males

Локус	STR	Σq
NVHRT76	91; 95; 99; 101; 103	0,042
RT30	190; 194; 204; 212	0,340
NV21	174	0,004
RT6	119	0,002
NVHRT24	147; 155	0,020
RT7	116; 234	0,006
RT9	116; 124; 128; 130; 132	0,173
RT1	233	0,008
RT27	133; 137; 143	0,059
$\chi^2 S_x$		0,073±0,038

причин отклонения фактического распределения генотипов от рассчитанного по формуле Харди-Вайнберга.

В табл. 8 дана характеристика основных генетических параметров анализируемой популяции северных оленей. Установлено, что наименьшей полиморфностью среди важенок характеризуется локус NVHRT24 (шесть вариантов микросателлитов), а среди хоров NVHRT24 и RT9 (четыре варианта микросателлитов). Наиболее полиморфным яв-

ляется локус RT1, по которому у самцов выявлено 11 аллелей, а у самок – 12. Среднее количество вариантов микросателлитов у важенок было на 2,24 больше ($8 \leq 0,05$), чем у хоров. Число эффективных аллелей у обоих полов было минимальным по локусу RT1 (хоры – 1,06; важенки – 2,40), а максимальные значения установлены по RT9 (хоры – 7,68; важенки – 8,65). Существенную разницу между числом наблюдаемых и эффективных аллелей у самцов установили по локусу RT30 (в 3,88 раза), у самок – RT9 (в 3,75 раза), а наибольшее соответствие у важенок и хоров по аллелям локуса RT1. Оценка индекса Шеннона показала, что у самцов и самок наиболее полиморфным являлся локус RT1 (2,130 у хоров и 2,236 у важенок). Среди важенок минимальное генетическое разнообразие установлено по локусу NVHRT24 (1,273), а среди хоров – по локусу RT9 (0,170).

Максимальной наблюдаемой гетерозиготностью среди самцов характеризовался локус RT6 (0,959), а минимальной – RT9 (0,061). Среди важенок наибольшая фактическая гетерозиготность установлена по локусу RT1 (0,838), а наименьшая – по RT9 (0,352). Оценка ожидаемой гетерозиготности показала, что локус RT9 также характеризуется минимальными значениями (хоры – 0,060; важенки – 0,583), а максимальные значения, независимо от половой принадлежности, установлены по локусу RT1 (хоры – 0,870; важенки – 0,884). Полокусный анализ уровня инбредности показал, что наибольшим соответствием наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности среди хоров характеризуется локус RT9 (-0,017), среди важенок – RT6 (-0,020). Заметная редукция гетерозигот, независимо от пола животных, прослеживалась по локусу NV21 (хоры – 0,693; важенки – 0,511), тогда как выраженный избыток гетерозигот наблюдался у самцов по локусу RT6 (-0,272).

Таблица 8
Полокусная характеристика основных генетических показателей северных оленей ненецкой породы в зависимости от половой принадлежности

Table 8
Per locus characterisation of main genetic parameters of reindeer of the Nenets breed depending on sex affiliation

Локус	Пол	N_A	$\frac{N_A}{q \geq 10\%}$	N_E	$\frac{N_A}{N_E}$	I	H_0	H_E	F_{IS}
NVHRT76	Хоры	7	3	2,75	2,55	1,163	0,286	0,636	0,550
	Важенки	10	3	3,86	2,59	1,573	0,462	0,741	0,377
RT30	Хоры	8	2	2,06	3,88	1,063	0,551	0,514	-0,072
	Важенки	11	3	4,44	2,48	1,697	0,565	0,775	0,271
NV21	Хоры	8	4	4,96	1,61	1,792	0,245	0,798	0,693
	Важенки	9	5	5,42	1,66	1,823	0,399	0,816	0,511
RT6	Хоры	9	2	4,07	2,21	1,703	0,959	0,754	-0,272
	Важенки	10	3	4,23	2,36	1,762	0,779	0,764	-0,020
NVHRT24	Хоры	4	3	2,77	1,44	1,144	0,714	0,639	-0,117
	Важенки	6	3	2,97	2,02	1,273	0,605	0,663	0,087
RT7	Хоры	9	3	3,26	2,76	1,545	0,449	0,694	0,353
	Важенки	11	4	4,64	2,37	1,827	0,688	0,785	0,124
RT9	Хоры	4	1	1,06	3,77	0,170	0,061	0,060	-0,017
	Важенки	9	1	2,40	3,75	1,374	0,352	0,583	0,396
RT1	Хоры	11	5	7,68	1,43	2,130	0,816	0,870	0,062
	Важенки	12	7	8,65	1,39	2,236	0,838	0,884	0,052
RT27	Хоры	6	4	3,84	1,56	1,490	0,673	0,740	0,091
	Важенки	9	3	3,98	2,26	1,645	0,419	0,748	0,440
M±m	Хоры	7,33±0,78	3,00±0,41	3,61±0,64	2,36±0,32	1,356±0,188	0,528±0,018	0,634±0,080	0,141±0,108
	Важенки	9,57±0,58*	3,56±0,56	4,51±0,60	2,32±0,22	1,690±0,093	0,567±0,010	0,751±0,029	0,249±0,064

Примечание. Различия достоверны: * $p \leq 0,05$ по отношению к хорам.
Note. Differences are reliable at * $p \leq 0,05$ for males.

Анализ генетического сходства свидетельствует (табл. 9, рис. 1), что максимально близкой структурой между важенками и хорами характеризуется локус RT6 ($D_N=0,006$), а наибольшим генетическим различием – локусы RT9 ($D_N=0,152$) и RT30 ($D_N=0,299$). При этом необходимо отметить, что снижение генетического сходства по указанным локусам произошло по причине сокращения генетического разнообразия у хоров. В целом, по частотам встречаемости аллелей девять проанализированных STR-локусов, величину генетической дивергенции между самцами и самками можно характеризовать как невысокую ($D_N=0,073$).

Проведенный анализ микросателлитного профиля северных оленей ненецкой породы свидетельствует, что важенки характеризуются более высоким генетическим разнообразием по сравнению с хорами. Отчасти это, по-видимому, объясняется разными размерами (численностями) выборок, представляющих две половые группы. Однако с учетом биологии размножения северных оленей, а именно участия в спаривании на 8-12 самок одного самца, можно заключить, что

Таблица 9
Характеристика генетической дивергенции по отдельным STR-локусам между важенками и хорами ненецкой породы северных оленей

Table 9
Characterisation of genetic divergence for individual STR loci between reindeer females and males of the Nenets breed

Локус	I_N	D_N
NVHRT76	0,938	0,064
RT9	0,859	0,152
NVHRT24	0,986	0,014
RT30	0,742	0,299
RT1	0,980	0,020
RT6	0,994	0,006
RT27	0,962	0,039
NV21	0,932	0,071
RT7	0,976	0,024
В среднем	0,930	0,073

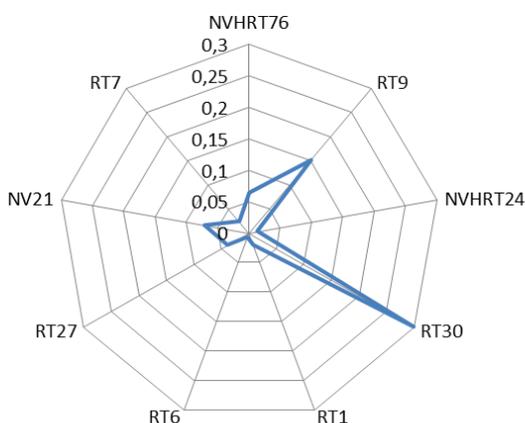


Рисунок 1. Визуализация генетической дистанции между важенками и хорами ненецкой породы северных оленей по отдельным микросателлитным локусам.

Figure 1. Visualisation of the genetic distance between females and males of the Nenets reindeer breed by individual microsatellite loci.

именно хоры будут оказывать существенное влияние на генетическую структуру популяции. Поэтому наиболее вероятным прогнозом, при отсутствии завоза производителей из других хозяйств, в данном стаде будет являться «генетическая эрозия», что в целом окажет негативное воздействие на генетическое разнообразие анализируемой популяции.

Внутрипопуляционная генетическая дифференциация стада северных оленей Ямальской опытной станции

На следующем этапе исследовательской работы была проведена оценка внутрипопуляционной генетической дифференциации стада северных оленей ненецкой породы кластерным методом. Ана-

Таблица 10
Численность и показатели вероятностей кластерной принадлежности особей

Table 10
Number and cluster affiliation likelihood of individuals

k	n	Q		
		Min	Max	Mean
1	25	0,288	0,610	0,366
2	20	0,213	0,324	0,265
3	19	0,229	0,481	0,328
4	20	0,214	0,325	0,257
5	16	0,217	0,318	0,270

лиз в программе Structure выборки генотипированных по 16 микросателлитным локусам животных показал низкую генетическую дифференциацию между особями. Максимальный уровень дифференциации был установлен при подразделении выборки на пять кластеров (рис. 2).

В результате деления на кластеры при $k=5$ (табл. 10), были сформированы группы с численностью от 16 до 25 животных, с минимальной вероятностью принадлежности к кластеру от 0,213 (k_2) и максимальной – до 0,610 (k_2). Средние значения Q находились в пределах 0,257–0,366.

Проведенная в программе GenAlEx генетическая оценка показала (табл. 11), что в исследованной выборке присутствует 119 аллелей, или в среднем по 7,438 на локус. Максимальное количество наблюдаемых микросателлитов пришлось на k_5 (6,188), минимальное – на k_3 (5,188). Число эффективных аллелей также было наибольшим в k_5 (3,903), а наименьшим – в k_1 (3,110). Одновременно первый кластер по значению индекса Шеннона характеризовался меньшим генетическим разнообразием ($I=1,202$), пятый, напротив, максимальным ($I=1,414$). В целом, уровень аллельного разнообразия исследуемой популяции составил 1,413. Наблюдаемая средняя гетерозиготность особей в k_5 была выше на 0,083, чем в k_1 , а ожидаемая – на 0,074. Разница несмещенного показателя ожидаемой гетерозиготности между первым и пятым кластерами составила 0,051.

Оценка F-статистики показала, что по k_1 , k_4 и k_5 присутствовал незначительный избыток гетерозигот (-0,061–0,029), по k_2 и k_3 установили соответствие наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности. В целом по Pop отмечена небольшая редукция гетерозигот.

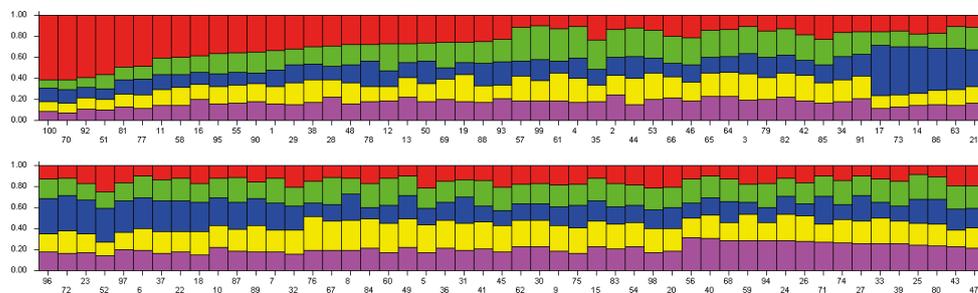


Рисунок 2. Визуализация генетической гетерогенности исследуемой выборки северных оленей, разделенной на пять кластеров (по оси X – списочные номера животных, по оси Y – вероятности членства в кластерах: k_1 – красный, k_2 – зеленый, k_3 – синий, k_4 – желтый, k_5 – сиреневый).

Figure 2. Visualisation of the genetic heterogeneity of the studied sample collection of reindeer divided into five clusters (X-axis – list numbers of animals, Y-axis – probabilities of cluster membership: k_1 – red, k_2 – green, k_3 – blue, k_4 – yellow, k_5 – lilac).

Таблица 11
Характеристика популяции северных оленей, подразделенных на кластеры по основным генетическим показателям
Table 11
Characteristics of the reindeer population subdivided into clusters by the main genetic indicators

k		Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F _{is}
1 (n=25)	X	5,625	3,110	1,202	0,608	0,591	0,603	-0,029
	Sx	0,625	0,347	0,135	0,066	0,058	0,060	0,043
2 (n=19)	X	6,250	3,715	1,356	0,635	0,631	0,648	0,002
	Sx	0,574	0,474	0,142	0,066	0,060	0,062	0,033
3 (n=20)	X	5,188	3,436	1,269	0,638	0,632	0,648	0,001
	Sx	0,614	0,364	0,138	0,064	0,055	0,056	0,040
4 (n=20)	X	5,875	3,453	1,303	0,656	0,621	0,637	-0,061
	Sx	0,515	0,390	0,135	0,065	0,061	0,062	0,024
5 (n=16)	X	6,188	3,903	1,414	0,691	0,665	0,686	-0,032
	Sx	0,702	0,463	0,141	0,061	0,053	0,055	0,037
Pop (n=100)	X	7,438	3,827	1,413	0,642	0,651	0,654	0,017
	Sx	0,713	0,453	0,143	0,059	0,057	0,057	0,010

Таблица 12
Значимость (P) различий нарушения равновесия по Харди-Вайнбергу (HWE) для каждой комбинации «выборка-локус»

Table 12
Significance (P) of differences in Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) disturbance for each sample-locus combination

Локус	Кластеры					Pop
	1	2	3	4	5	
BMS1788	0,976	0,741	0,733	0,080	0,271	0,327
RT30	0,141	0,948	0,438	0,844	1,000	0,999
RT1	0,982	0,360	0,902	0,065	0,390	0,517
RT9	0,918	0,462	0,515	0,194	0,711	0,587
C143	0,545	0,967	0,831	0,939	0,460	0,474
RT7	0,284	0,980	0,723	0,577	0,985	0,985
ONEQ	0,828	0,969	0,954	0,974	0,957	0,979
FCB193	0,811	0,440	0,535	0,709	0,581	0,695
RT6	0,928	0,887	0,789	0,996	0,111	0,027
RT24	0,179	0,734	0,926	0,649	0,013	0,000
BMS745	0,379	0,142	0,128	0,987	0,262	0,311
NVHRT16	0,091	0,603	0,523	0,804	0,381	0,492
T40	0,652	0,578	0,876	0,771	0,650	0,598
C276	0,999	0,011	0,954	0,996	0,463	0,095
C217	0,853	0,934	0,274	0,285	0,019	0,023
C32	-	0,906	-	-	0,920	0,916

Полокусный анализ соответствия наблюдаемого распределения частот генотипов ожидаемому по закону Харди-Вайнберга показал (табл. 12), что за исключением локуса C276 k2 ($p \leq 0,05$), по всем кластерам отсутствуют значимые отклонения. В целом в Pop установили статистически значимое отклонение наблюдаемого распределения генотипов от ожидаемого по локусам RT6 ($p \leq 0,05$), RT24 ($p \leq 0,001$) и C217 ($p \leq 0,05$).

Анализ специфичных для каждого кластера аллелей показал (табл. 13), что по k1 и k2 выявлено по два приват-аллеля: по локусам Rt6 и C276 с суммарной частотой 0,060; Rt7²⁴⁰ и FCB193¹³⁸ с общей частотой 0,079 соответственно. Встречаемость трех приват-аллелей в k4 соста-

вила 0,100, которые находились в локусах Rt1, BMS745, NVHRT16. Пятый кластер характеризовался максимальным значением частот специфичных микросателлитов ($\Sigma q = 0,219$), находящихся в пяти локусах: BMS1788, Rt30, Rt7, OneQ, Rt24. В отличие от других кластеров, k3 не имел приват-микросателлитов.

Оценка генетического сходства между сформированными группами показала, что минимальная генетическая дистанция, рассчитанная по Нею (табл. 14, рис. 3), установлена между k2 и k4 (0,043) и максимальная – между k2 и k3 (0,119). Вариация несмещенных оценок генетической дивергенции, по Нею, была ниже некорректированных, а между k2 и k4 вовсе отсутствовала. Попарные оценки генетических дистанций между группами (кластерами), рассчитанные разными методами, дали сходные результаты ранжирования величин генетического различия.

Сравнение аллельных характеристик между отдельными кластерами и популяцией в целом, с использованием различных статистических подходов, выявило некоторые различия. Так, стандартная генетическая дистанция Нея характеризовалась наибольшим значением при сравнении Pop с k3 ($D_N = 0,049$), а наименьшим – Pop

Таблица 13
Приват-аллели, выявленные у генотипированных особей, разделенных на кластеры

Table 13
Private alleles identified in genotyped individuals divided into clusters

Кластер	Локусы	Микросателлиты	q	Σq
1	Rt6	186	0,020	0,060
	C276	259	0,040	
2	Rt7	240	0,053	0,079
	FCB193	138	0,026	
4	Rt1	267	0,050	0,100
	BMS745	330	0,025	
	NVHRT16	142	0,025	
5	BMS1788	150	0,031	0,219
	Rt30	223	0,031	
	Rt7	254	0,063	
	OneQ	299	0,031	
	Rt24	248	0,063	

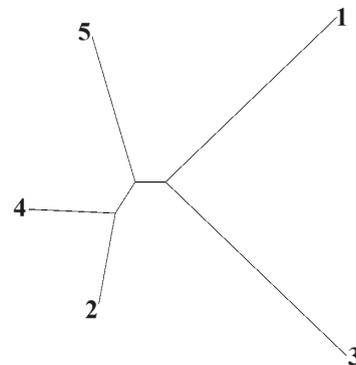


Рисунок 3. Визуализация генетических дистанций (DN) между группами, сформированными в кластерах.
Figure 3. Visualisation of genetic distances (DN) between groups formed in clusters.

Таблица 14
Результаты оценки генетических дистанций между группами (кластерами)

Table 14
Evaluation results of genetic distances between groups (clusters)

k	D_N	uD_N	F_{st}	G_{st}	G'_{stN}	G'_{stH}	G''_{st}	D_{est}
k-1								
2	0,090	0,051	0,027	0,015	0,030	0,066	0,080	0,052
3	0,119	0,081	0,035	0,023	0,045	0,101	0,121	0,079
4	0,102	0,066	0,028	0,016	0,032	0,070	0,084	0,054
5	0,099	0,051	0,028	0,015	0,030	0,071	0,085	0,057
k-2								
3	0,101	0,055	0,027	0,014	0,028	0,066	0,078	0,052
4	0,043	0,000	0,012	0,000	-0,001	-0,002	-0,003	-0,002
5	0,060	0,003	0,016	0,001	0,002	0,006	0,007	0,005
k-3								
4	0,098	0,054	0,027	0,015	0,029	0,067	0,080	0,053
5	0,101	0,046	0,026	0,011	0,023	0,057	0,068	0,046
k-4								
5	0,064	0,009	0,017	0,003	0,007	0,016	0,020	0,013
Pop								
1	0,039	0,020	0,013	0,006	0,012	0,027	0,033	0,021
2	0,025	0,000	0,007	-0,001	-0,002	-0,005	-0,006	-0,004
3	0,049	0,021	0,013	0,006	0,011	0,026	0,031	0,021
4	0,028	0,002	0,008	0,000	0,001	0,002	0,003	0,002
5	0,034	0,000	0,009	-0,001	-0,001	-0,003	-0,003	-0,002

с k2 ($D_N=0,025$), при этом по несмещенной оценке различий по парам Pop-k2 и Pop-k5 не выявили ($uD_N=0,000$). Дистанция между популяцией и кластерами, основанная на индексе фиксации, была максимальной по парам Pop-k1 ($F_{st}=0,013$) и Pop-k3 ($F_{st}=0,013$), минимальной – по Pop-k2 ($F_{st}=0,007$). G_{st} -статистика между выборками P-k1 и P-k3 была наибольшей ($G_{st}=0,006$), а по Pop-k2 и Pop-k5 – наименьшей ($G_{st}=-0,001$). Нормированные оценки коэффициентов генной дифференциации по Нею (G'_{stN}) и Хедрику (G'_{stH} , G''_{st}) имели сходную закономерность. D_{est} -статистика показала максимальную генетическую дифференциацию между Pop-k1 и Pop-k3 ($D_{est}=0,021$) и минимальную – для Pop-k2 ($D_{est}=-0,004$).

Таким образом, деление популяции с помощью программы Structure 2.3.4 на пять кластеров позволило с высокой вероятностью членства в собственном кластере сформировать генетически дифференцированные группы особей, из которых наибольшим аллельным разнообразием обладали животные, отнесенные к k5, а наименьшим – к k1. Кластеризация дала возможность выявить приват-аллели, наибольшее количество которых было характерно для k5. Используя различные способы оценки генетического различия, наиболее дистанцированными по отношению к аллелофонду исследованной популяции можно считать k1 и k3. По стаду северных оленей ненецкой породы Ямальской опытной станции в целом наблюдали незначительную редукцию гетерозигот, минимизировать которую можно путем целенаправленного отбора и подбора особей в зависимости от их индивидуальных генотипов или принадлежности группы особей к кластеру, установленных по результатам кластерного анализа.

В целом проведенные исследования полиморфизма микросателлитов показали, что генотипированная выборка северных оленей ненецкой породы представляет генетически слабо дифференцированный массив.

Заключение

Изучение численности домашних северных оленей по федеральным округам показало, что Уральский федеральный округ занимает лидирующую позицию по количеству этих животных. В 2023 г. здесь наблюдалось снижение численности оленей на 17,58 % по сравнению с 2018 г. В рамках данного округа наибольшую долю составляют олени Ямало-Ненецкого автономного округа – 95,11 %, в то время как Ханты-Мансийский автономный округ владеет лишь 4,89 % от общего поголовья. Второе место по численности оленей занимают Дальний Восток и Северо-Западный федеральный округ. В Дальне-Восточном федеральном округе более половины оленей обитает в Республике Саха (53,26 %), значительная доля приходится на Чукотский автономный округ (35,07 %), а оставшиеся 11,67 % находятся в Камчатском крае. В Северо-Западном федеральном округе большинство оленей сосредоточено в Ненецком автономном округе (НАО) (55,66 %), за Республикой Коми – 27,68 %, наименьшая доля наблюдается в Мурманской области (16,67 %). Наименьшее количество оленей зарегистрировано в Сибирском федеральном округе (Красноярский край).

Исследование выявило негативную динамику численности оленей в арктических регионах в 2023 г., за исключением НАО и Республики Саха, где снижения не произошло. Максимальное сокращение отмечено в ЯНАО. В большинстве арктических регионов в 2023 г. оленеводство находится под контролем сельскохозяйственных организаций. Исключением является ЯНАО, где значительная часть оленей (63,09 %) принадлежит домохозяйствам, тогда как в Красноярском крае на К(Ф)Х и ИП приходится 51,59 %.

Анализ состава стада ЯОС показал, что в хозяйстве наблюдается нехватка самок. В частности, общее количество важенок и нетелей составляет лишь 47,6 %, что на 14,4% ниже рекомендованного уровня. Это несоответствие связано с увеличением численности быков-кастратов (на 3,7 %), третьяков (на 4,5) и самцов-телят (на 5,3 %). Такое смещение половой структуры в сторону мужского пола отрицательно влияет на количество производимого молодняка и увеличивает конкуренцию между производителями. В связи с этим, одним из способов улучшения селекционно-племенной работы в стаде является оптимизация его половозрастной структуры через плановую и своевременную выбраковку определенных особей.

Анализ фенотипических признаков исследуемой популяции оленей показал, что животные имеют типичное для уральского экотипа ненецкой породы телосложение – сравнительно невысокие с хорошо развитым в длину и глубину туловищем, несколько удлинённой грудью, хорошо развитым костяком, недлинной, сравнительно широкой головой. При оценке данных бонитировки за по-

следние два года установлено, что телята, родившиеся в 2024 г., по некоторым показателям уступают признакам молодняка, появившегося в 2023 г. Так, масса телеваженки оказалась ниже на 8,7 кг ($p \leq 0,001$), а телехоров – на 5,6 кг ($p \leq 0,001$). Основной причиной такой заметной разницы, вероятно, послужили неблагоприятные климатические условия, наблюдаемые весной 2024 г.

Сравнительная оценка генетического разнообразия северных оленей ненецкой породы в зависимости от половой принадлежности показала, что среди важенки присутствуют 24 микросателлита, отсутствующие у хоров. Приват-аллели выявлены по всем девяти анализируемым локусам, средняя частота которых составила 0,073. Полокусный анализ соответствия наблюдаемых и ожидаемых генотипов показал, что наибольшее сходство, независимо от пола, наблюдается по локусу NVHRT24, а максимальное расхождение просматривалось по RT6 у хоров, и по RT30 – у важенки. Достоверное несоответствие распространенности наблюдаемых и ожидаемых генотипов у самцов было характерно для NVHRT76, RT27 и NV21 ($p \leq 0,001$), а у самок – для всех девяти анализируемых локусов ($p \leq 0,05$ – $0,001$). Анализ основных генетических параметров свидетельствует, что среднее количество наблюдаемых вариантов микросателлитов среди важенки было на 2,24 больше ($p \leq 0,05$) по сравнению с хорами. Наибольшим несоответствием наблюдаемых и эффективных микросателлитов у самцов характеризовался локус RT30 (разница – в 3,88 раз), у самок – RT9 (разница – в 3,75 раз). Полокусный анализ уровня инбридности показал, что наибольшим соответствием наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности у хоров характеризуется локус RT9 ($-0,017$), а у важенки – RT6 ($-0,020$). Заметный дефицит гетерозиготности, независимо от пола, прослеживался по NV21 (хоры – 0,693; важенки – 0,511), тогда как выраженный сдвиг в сторону избытка гетерозигот наблюдался лишь среди самцов по локусу RT6 ($-0,272$). Максимально близкой структурой между важенками и хорами характеризовался локус RT6 ($D_N = 0,006$), а наибольшим генетическим различием – локусы RT9 ($D_N = 0,152$) и RT30 ($D_N = 0,299$). Тем не менее средняя генетическая дивергенция между самцами и самками была незначительной ($D_N = 0,073$). Полученные данные прогнозируют дальнейшее сужение генетического разнообразия анализируемой популяции в случае отсутствия обмена хорами.

Кластерный анализ, проведенный в программе Structure 2.3.4. генотипированных по 16 микросателлитным маркерам животных, показал, что наивысший уровень дифференциации наблюдается при делении выборки на пять кластеров. При этом максимальное количество наблюдаемых и эффективных STR-аллелей установили в к5 (6,188 и 3,903 соответственно). По величине индекса Шеннона минимальным генетическим разнообразием ($I = 1,202$) характеризовался первый кластер, пятый – напротив максимальным ($I = 1,414$). По к1, к4 и к5 установлен незначительный избыток гетерозигот ($-0,061$ – $0,029$), а в целом по популяции отмечалась их небольшая редукция ($F_{IS} = 0,017$). У особей к1 выявлены приват-аллели Rt6¹⁸⁶ и C276²⁵⁹ с суммарной частотой 0,060, характерные для к2 микросателлиты Rt7²⁴⁰ и FCB193¹³⁸ встречались с общей частотой 0,079, в к4 суммарная частота встречаемости приват-ал-

лелей Rt1²⁶⁷, BMS745³³⁰, NVHRT16¹⁴² составила 0,100, в к5 приват-аллели BMS1788¹⁵⁰, Rt30²²³, Rt7²⁵⁴, OheQ²⁹⁹, Rt24²⁴⁸ обнаружили у 21,9 % животных. Генетическая дистанция (D_N) была минимальной – между к2 и к4 (0,043), максимальной между к2 и к3 (0,119). По отношению к популяции в целом максимальная генетическая дистанция прослеживалась у к3 ($D_N = 0,049$), а наименьшая – у к2 ($D_N = 0,025$). Самая высокая оценка по Dest-статистике получена при сравнении пар Pop-k1 и Pop-k3 ($D_{est} = 0,021$) и отсутствовала между Pop-k2 и Pop-k5 ($D_{est} = -0,004$ – $0,002$).

В целом, в анализируемой популяции северных оленей ненецкой породы было зафиксировано легкое уменьшение числа гетерозигот. Эта редукция может быть сокращена с помощью целенаправленного отбора и подбора животных на основе их индивидуальных генотипов или принадлежности к определенной группе, выделенной в результате кластерного анализа. Исследования, проведенные по полиморфизму микросателлитов, продемонстрировали, что отобранная для генотипирования выборка северных оленей ненецкой породы составляет генетически однородный массив с низкой дифференциацией.

Таким образом, по результатам исследований, проведенных в 2024 г., получены экспериментальные данные для создания технологий направленных селекционных процессов в северном оленеводстве.

Автор заявляет об отсутствии конфликта интересов.

Источники

1. Забродин, В. А. Результаты изучения инфекционных и инвазионных заболеваний в Таймырской популяции диких северных оленей / В. А. Забродин, К. А. Лайшев, В. П. Печин // Северный олень в России 1982-2002. – М.: Триада-Фарм, 2003. – С. 261-272.
2. Южаков, А. А. Новые знания, методы и модели в разведении, экологии и эпизоотологии северных оленей / А. А. Южаков, Т. М. Романенко, К. А. Лайшев. – СПб. – Пушкин, 2018.
3. Романенко, Т. М. Экстерьерные особенности северных оленей острова Колгуев и Малоземельской тундры в сравнительном аспекте / Т. М. Романенко, А. С. Митюков // Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета. – 2011. – № 24. – С. 113-118.
4. Романенко, Т. М. Краниологическая характеристика северных оленей (*Rangifer tarandus*) ненецкой породы Тиманской и Большеземельской тундр Ненецкого АО / Т. М. Романенко, Ю. П. Вылко // Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований. – 2019. – № 12. – С. 110-114.
5. Андреев, В. Н. Северные олени / В. Н. Андреев, И. М. Голосов, Б. В. Преображенский. – Красноярск: Кн. изд-во, 1972. – 190 с.

References

1. Zabrodin, V. A. Rezultaty izucheniya infekcionnyh i invazionnyh zabojevanij v Tajmyrskoj populyacii dikih severnyh oleney [The study results of infectious and invasive dis-

- eases in the Taimyr population of wild reindeer] / V. A. Zabrodin, K. A. Laishev, B. P. Pechin // Severnyj olen v Rossii 1982–2002 [Northern Reindeer in Russia 1982–2002]. – Moscow : Triada-Farm, 2003. – P. 261–272.
2. Yuzhakov, A. A. Novye znaniya, metody i modeli v razvedenii, ekologii i epizootologii severnyh olenей [New data, methods and models in breeding, ecology and epizootology of reindeer] / A. A. Yuzhakov, T. M. Romanenko, K. A. Laishev. – Saint-Petersburg, Pushkin, 2018.
 3. Romanenko, T. M. Eksteryerные osobennosti severnyh olenей ostrova Kolguev i Malozemelskoj tundry v sravnitel'nom aspekte [Exterior features of reindeer of the Kolguev Island and Malozemelskaya tundra in the comparative aspect] / T. M. Romanenko, A. S. Mityukov // Proceedings of the Saint-Petersburg State Agrarian University. – 2011. – № 24. – P. 113–118.
 4. Romanenko, T. M. Craniological characterisation of reindeer (*Rangifer tarandus*) of the Nenets breed in the Timan and Bolshezemelskaya tundra areas of the Nenets Autonomous Okrug / T. M. Romanenko, Yu. P. Vylko // Mezhdunarodnyj zhurnal prikladnyh i fundamentalnyh issledovanij [International Journal of Applied and Fundamental Research]. – 2019. – № 12. – P. 110–114.
 5. Andreev, V. N. Severnye oleni [Reindeer] / V. N. Andreev, I. M. Golosov, B. V. Preobrazhenskiy. – Krasnoyarsk : Kn. izd-vo, 1972. – 190 p.

Информация об авторе:

Максимчик Максим Александрович – директор Ямальской опытной станции ФИЦ Тюменского научного центра Сибирского отделения Российской академии наук; Author ID: 694125; <https://orcid.org/0009-0006-3942-9981> (629000, Российская Федерация, г. Салехард, ул. Патрикеева, д. 10; e-mail: maxim.maksimchik@gmail.com).

About the author:

Maxim A. Maksimchik – Director of the Yamal Experimental Station, Tyumen Science Centre of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Author ID: 694125; <https://orcid.org/0009-0006-3942-9981> (10 Patrikeev st., Salekhard, 629000 Russian Federation; e-mail: maxim.maksimchik@gmail.com).

Для цитирования:

Максимчик, М. А. Оценка генетического потенциала оленей ненецкой породы с целью создания технологий направленных селекционных процессов в северном оленеводстве / М. А. Максимчик // Известия Коми научного центра Уральского отделения Российской академии наук. Серия «Сельскохозяйственные науки». – 2025. – № 1 (77). – С. 64–74.

For citation:

Maksimchik, M. A. Ocenka geneticheskogo potentsiala olenей neneckoj porody s celyu sozdaniya tekhnologij napravlennyh selekcionnyh processov v severnom olenevodstve [Evaluation of the genetic potential of the Nenets reindeer breed for creation of the technologies of directed selection processes in northern reindeer herding] / M. A. Maksimchik // Proceedings of the Komi Science Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences. Series "Agricultural Sciences". – 2025. – № 1 (77). – P. 64–74.

Дата поступления статьи: 10.02.2025

Прошла рецензирование: 21.02.2025

Принято решение о публикации: 17.02.2025

Received: 10.02.2025

Reviewed: 21.02.2025

Accepted: 17.02.2025