

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.49.15>

МОНИТОРИНГ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИЙ ОЛЕНЕЙ ЧУКОТСКОЙ И ЭВЕНСКОЙ ПОРОД КРАЙНЕГО СЕВЕРА ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА РОССИИ

Научная статья

Витомскова Е.А.^{1,*}, Лебедев А.А.², Лыков А.С.³

¹ ORCID : 0000-0003-3161-2475;

³ ORCID : 0000-0002-5288-1263;

^{1,3} Магаданский научно-исследовательский институт сельского хозяйства, филиал Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Магадан, Российская Федерация

² Министерство сельского хозяйства Магаданской области, Магадан, Российская Федерация

* Корреспондирующий автор (ekaterinaseymchan[at]mail.ru)

Аннотация

Цель работы – выполнение многолетнего мониторинга генетической характеристики популяций эвенской и чукотской пород в разные временные периоды в северном домашнем оленеводстве Крайнего Севера Дальнего Востока России. В течение 2014-2023 годов исследованы 4 популяции – Пареньская, Гижигинская, Амгуэма, Хатырская – разных пастбищно-географических районов Магаданской области и Чукотки. Материалом для молекулярно-генетических исследований служили 332 пробы образцов выщипов ушной раковины оленей. Аналитические работы проводились в лаборатории ДНК-анализа Всероссийского научно-исследовательского института племенного дела. Наиболее распространенными у эвенской породы являются генотипы, имеющие в своём составе локусы №3 (240-330), №5 (350-430), №6 (440-520), №7 (520-570) и №9 (700-770). Показатель ожидаемой гетерозиготности эвенской породы на высоком уровне: $0.882 \pm 0.013 - 0.883 \pm 0.035$. У 99% чукотской породы оленей присутствует фрагмент длиной 240-330 п. н. (локус №3). Локусы №6 (440-520) и №7 (520-570) выявлены у 93% особей, локус №5 (350-430) – у 95%; показатель ожидаемой гетерозиготности: $0.885 \pm 0.037 - 0.877 \pm 0.026$. Впервые получен большой массив данных о генетических характеристиках популяций домашних северных оленей Магаданской области и Чукотки в сравнительном аспекте, имеющий актуальное научное и практическое значение для дальнейшего совершенствования селекционно-племенной работы в оленеводстве.

Ключевые слова: северное оленеводство, Чукотка, Магаданская область, ISSR- маркеры, гомозиготность, гетерозиготность.

MONITORING THE GENETIC STRUCTURE OF CHUKCHI AND EVEN REINDEER POPULATIONS IN THE FAR NORTH OF THE FAR EAST OF RUSSIA

Research article

Vitomskova E.A.^{1,*}, Lebedev A.A.², Likov A.S.³

¹ ORCID : 0000-0003-3161-2475;

³ ORCID : 0000-0002-5288-1263;

^{1,3} Magadan Scientific Research Institute of Agriculture, a branch of the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Magadan, Russian Federation

² Ministry of Agriculture of the Magadan region, Magadan, Russian Federation

* Corresponding author (ekaterinaseymchan[at]mail.ru)

Abstract

The aim of the work is to perform long-term monitoring of genetic characterization of populations of Even and Chukchi breeds in different time periods in the northern domestic reindeer breeding in the Far North of the Russian Far East. During 2014-2023, 4 populations – Porenskaya, Gizhiginskaya, Amguema, Khatyrskaya – of different pasture-geographic districts of Magadan Oblast and Chukotka were studied. The material for molecular genetic studies was 332 samples of reindeer ear pluck samples. The analyses were carried out in the DNA analysis laboratory of the All-Russian Research Institute of Breeding. The most common genotypes in the Even breed are genotypes with loci №3 (240-330), №5 (350-430), №6 (440-520), №7 (520-570) and №9 (700-770). The index of expected heterozygosity of Even breed is at high level: $0.882 \pm 0.013 - 0.883 \pm 0.035$. A fragment of 240-330 bp in length is present in 99% of the Chukchi reindeer breed (locus №3). Loci №6 (440-520) and №7 (520-570) were detected in 93% of individuals, locus №5 (350-430) – in 95%; the index of expected heterozygosity: $0.885 \pm 0.037 - 0.877 \pm 0.026$. For the first time, a large array of data on genetic characteristics of domestic reindeer populations of Magadan Oblast and Chukotka in comparative aspect was obtained, which is of actual scientific and practical importance for further improvement of selection and breeding work in reindeer breeding.

Keywords: Northern reindeer breeding, Chukotka, Magadan Oblast, ISSR markers, homozygosity, heterozygosity.

Введение

В арктических и субарктических регионах России в границах Крайнего Севера Дальнего Востока оленеводство имеет важное хозяйственное и социальное значение как отрасль занятости коренного населения. На территории

Магаданской области и Чукотского автономного округа (ЧАО) разводят две породы северных оленей: эвенскую и чукотскую.

В 70-е годы породы северных оленей не были официально утверждены. Но, в ходе естественного и под влиянием искусственного отбора в различных природных зонах сформировались отличающиеся между собой два экотипа оленей – эвенский и чукотский, которые характеризуются резко отличающимися хозяйственно-полезными признаками. Эвенский – сформировался путём отбора животных с хорошими ездовыми качествами, чукотский – создавался под влиянием природно-климатических условий арктической тундры и народной селекции, направленной на улучшение мясных форм животных.

В настоящее время в административных границах Магаданской области распространена эвенская порода оленей численностью 2900 голов, которые приспособлены к пастбищному содержанию в условиях горно-таёжной и лесотундровой зоны (рис.1).



Рисунок 1 - Олени эвенской породы Магаданской области

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.49.15.1>

В восьмидесятых годах прошлого столетия в 12-ти хозяйствах Магаданской области выпасалось 130 тысяч голов основного стада, а также существовал племенной репродуктор по разведению оленей основного стада «Рассохинский». В 90-е годы оленеводству Магаданской области нанесён непоправимый урон, поголовье сократилось в пятнадцать раз, утрачена собственная племенная база. Из-за снижения численности оленей эвенской породы до критического уровня необходимы меры по сохранению генофонда популяций, и в первую очередь изучение генетической структуры стада.

В Чукотском АО наиболее многочисленна чукотская порода (рис.2) с ареалом распространения 738 тыс. км². В настоящее время в ЧАО разведением оленей занимаются 14 муниципальных сельхозпредприятий, крестьянско-фермерские и личные подсобные хозяйства.



Рисунок 2 - Чукотская порода северного оленя
DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.49.15.2>

Несмотря на принимаемые меры, поголовье оленей в регионе сокращается. Так, в 2010 году выпасались 195,4 тыс. голов, в 2018 г. – 154,9 тыс., в 2019 г. – 141,9 тыс., в 2020 г. – 132,4 тыс. Уменьшение численности животных требует особого внимания к состоянию генофонда, который к настоящему времени исследован недостаточно [1].

Уникальность каждой популяции определяется генетической структурой, которую оценивают относительной частотой генотипов или частотой генов. Такая информация необходима для выбора селекционной стратегии по совершенствованию продуктивных качеств животных [2], [3], [4]. Свойства генетической популяции формируются под влиянием среды, наследственности, изменчивости и отбора, в результате чего происходит её развитие [5], [6], [7].

Каждая популяция северных оленей имеет определённую генетическую структуру и генофонд – совокупность генов, которые имеют все особи популяции. Генетическая структура определяется концентрацией каждого гена (или его аллелей) в популяции, характером генотипов и частотой их распространения. В селекционной практике идентификация генетической структуры имеет существенное значение. Популяция может менять генетическую структуру под воздействием внешних и внутренних факторов. В то же время она способна сохранять структуру в ряде поколений, благодаря приспособленности особей, образующих популяцию [8], [9], [11], [12].

В настоящее время для изучения генетической дифференциации животных применяют ДНК-маркеры, полученные на основе метода полимеразной цепной реакции (ПЦР). Метод анализа полиморфизма межмикросателлитных участков ДНК позволяет охарактеризовать множественные локусы генома оленей и является эффективным инструментом оценки индивидуального, группового и популяционного разнообразия [12], [13].

Цель работы заключалась в выполнении многолетнего мониторинга генетической характеристики сельскохозяйственных популяций оленей эвенской и чукотской пород в северном домашнем оленеводстве Крайнего Севера Дальнего Востока России.

Материалы и методы

Исследования выполнялись в течение 2014-2023 гг. в сельскохозяйственных популяциях оленеводческих хозяйств Магаданской области – СХП «Ирбычан», Чукотского автономного округа – племенных хозяйствах МУП СХП «Хатырское», «Амгуэма». Общая численность оленей в хозяйствах составила 17356 голов (табл.1).

Таблица 1 - Оленеводческие хозяйства, задействованные в исследованиях

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.49.15.3>

Хозяйство	Голов оленей	Кол-во проб	Пастбищно-географическая зона
МУП СХП «Хатырское»	5706	90	Анадырский район. Тундровые пастбища юго-западной части

			Чукотского АО. Побережье Берингова моря
МУП СХП «Амгуэма»	11360	100	Иульгинский район. Арктические тундры северо-западной части Чукотского полуострова.
СХП «Ирбычан»	2900	142	Тундровые пастбища Северо-Эвенского района Магаданской области
Всего	17356	332	–

В работе использовано 332 пробы тканей оленей – выщипов части ушной раковины. Животных отбирали рандомным методом разных половозрастных групп: важенки, третьяки и хоры, молодняк до года. Образцы ушных раковин консервировали этиловым спиртом. Аналитические работы проводились в лаборатории ДНК-технологий Всероссийского научно-исследовательского института племенного дела.

Статистическая обработка данных выполнена с помощью стандартных компьютерных программ «Genepor». Каждый фрагмент рассматривался как отдельный маркер, представляющий собой нуклеотидную последовательность, заключённую между двумя инвертированными микросателлитными повторами. Для расчётов использованы локусы ДНК, образующие фрагменты длиной от 180 до 1400 п. н., ясно различимые визуалью и формирующие выраженные пики при компьютерном сканировании гелей. На основе частот встречаемости фрагментов ДНК определяли показатели, характеризующие генетическую структуру популяции.

Результаты и обсуждение

С целью выполнения мониторинга генетической структуры популяций северных оленей эвенской и чукотской пород исследованиями охвачено 42.5% поголовья взрослых оленей в Магаданской области и 38.8%, пасущихся на территории Чукотского АО. Исследованы две популяции оленей Магаданской области: СХП «Ирбычан» (Пареньская и Гижигинская) и две популяции Чукотского АО: МУП СХП «Хатырское» и «Амгуэма» разных пастбищно-географических районов.

В выборке оленей Пареньской популяции эвенской породы, которая подверглась исследованию в 2017 году, все обнаруженные локусы ДНК являются полиморфными, наибольшее распространение имеют межмикросателлитные участки ДНК средней длины. У исследованных животных выявлен всего 551 фрагмент ДНК. Также в данной выборке оленей выявлено 11 маркерных фрагментов ДНК. Чаще других встречаются пять фрагментов ДНК: первый, третий, пятый, шестой и седьмой, их частота превышает 0,1 (табл. 2). У 100% исследованных животных присутствуют межмикросателлитные участки ДНК длиной около 300 п. н. (локус 3), 400 п. н. (локус 5) и 500 п. н. (локус 6), характерные для северных оленей. Локус 7, выявлен у 76% изучаемых животных. Анализ изменчивости фрагментов ДНК показал, что у каждой отдельной особи имеется от 1 до 9 фрагментов межмикросателлитной ДНК, а их среднее число на одно животное составляет 6.56 (табл.2).

Анализ частот встречаемости ISSR- фрагментов ДНК у особей эвенской породы по половозрастным группам показал, что в геноме быков фрагменты 1 и 8 представлены реже, чем у важенок и молодняка на 4,5%.

Таблица 2 - Частота ISSR-маркеров у пород северных оленей в сравнительном аспекте

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.49.15.4>

№	Длина фрагмента (пар нуклеотидов)	Популяция			
		Эвенская порода		Чукотская порода	
		Ирбычан (Пареньская)	Ирбычан (Гижигинская)	Хатырская	Амгуэма
n		84	58	90	100
1	180-210	0,109±0,034	0,127±0,045	0,052±0,018	0,118±0,018
2	220-230	0,045±0,022	0,147±0,029	0,062±0,020	0,113±0,018
3	240-330	0,152±0,039	0,161±0,052	0,150±0,029	0,150±0,020
4	330-350	0,076±0,028	0,136±0,018	0,046±0,017	0,046±0,012
5	350-430	0,152±0,039	0,139±0,017	0,150±0,029	0,144±0,020
6	440-520	0,152±0,039	0,152±0,038	0,150±0,029	0,141±0,019
7	520-570	0,120±0,035	0,064±0,012	0,142±0,029	0,141±0,019
8	650-690	0,045±0,022	0,075±0,047	0,092±0,024	0,061±0,013

9	700-770	0,098±0,032	0	0,054±0,019	0,085±0,016
10	850-980	0,040±0,021	0	0,017±0,011	0,000±0,000
11	1100-1300	0,009±0,010	0	0,085±0,023	0,000±0,000

Фрагменты 4 и 7 встречаются чаще на 3,5 %, чем у маток, и на 4,8% в сравнении с молодняком.

Исследования показали, что наиболее распространенными у эвенской породы являются генотипы, имеющие в своём составе локусы 3, 5, 6, 7 и 9. Одинаковые генотипы встречаются у двух-пяти особей. Около 30% исследованной выборки животных имеют уникальные генотипы [13].

В выборке оленей Гижигинской популяции эвенской породы, которая подверглась исследованию в 2023 году, для расчетов использовали локусы ДНК, формирующие фрагменты длиной от 180 до 700 п. н., ясно различимые визуально и формирующие выраженные пики при компьютерном сканировании гелей. В исследуемой группе 8 из 11 локусов ДНК являются полиморфными, наибольшее распространение имеют межмикросателлитные участки ДНК средней длины (табл.2).

У исследованных животных выявлен всего 361 фрагмент ДНК. Более часто встречаются пять фрагментов ДНК: первый, третий, пятый, шестой и седьмой, их частота превышает 0,1 (табл. 2).

У 100% исследованных животных присутствуют межмикросателлитные участки ДНК длиной около 240-330 п. н. (локус 3), характерный для северных оленей эвенской породы; 440-520 п. н. (локус 6) выявлен у 94% животных, локус 2 (220-230) – у 91% оленей, локус 5 (350-430) – у 86% исследуемых животных. Анализ изменчивости фрагментов ДНК показал, что у каждой отдельной особи имеется от 4 до 8 фрагментов межмикросателлитной ДНК, а их среднее число на одно животное составляет 6.22. Из 11 локусов 8 являются информативными для исследованного стада и имеют частоту встречаемости более 5%.

Исследования показали, что наиболее распространенными в Гижигинской популяции является генотип, имеющие в своём составе локусы 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7. Частота встречаемости 24%. Генотип с локусами 1, 3, 5, 6, 7 имеет частоту встречаемости 8%, а также генотип 1, 2, 3, 4, 5, 7 – 13%.

В 2014 году исследована популяция чукотской породы оленей Амгуэма, в которой обнаружено 9 маркерных фрагментов ДНК. Наиболее часто встречается 6 фрагментов: 1, 2, 3, 5, 6 и 7-й, частота каждого из них от 0.113 до 0.150 (табл. 2). У 99% оленей присутствует фрагмент длиной 240-330 п. н. (локус №3). Локусы №6 и №7 выявлены у 93% особей, локус №5 – у 95%. В результате анализа изменчивости фрагментов ДНК установлено, что у отдельной особи имеется от 1 до 9 фрагментов ДНК. Среднее число фрагментов у одного животного составило 6.61. Из 9 локусов 8 (88,9%) с частотой встречаемости, превышающей 5%, являются информативными. Наиболее распространены генотипы, имеющие в своем составе локусы №1, №2, №3, №5, №6, №7 (19% особей). Распределены генотипы равномерно (табл.2).

В 2020 году исследована популяция чукотской породы оленей Хатырская. Из 11 маркерных фрагментов ДНК, чаще других встречаются 4 фрагмента: 3, 5, 6, 7-й с частотой, превышающей 0.1. У 97% особей присутствуют локусы №3, 5, 6, а у 92% – локус №7. Для данной популяции 9 локусов из 11 (81.8%) являются информативными, поскольку частота встречаемости каждого локуса превышает 5%. Наиболее распространены в Хатырской популяции генотипы, имеющие в своем составе локусы №3, 5, 6, 7, 8, распределение генотипов равномерное. Около 50% оленей данной выборки имеют уникальные генотипы (табл. 2).

В целом по чукотской породе реже других встречаются длинные фрагменты – локусы №10 и №11 (2.3-3.94%). Частота фрагментов №1, №2, №4, а также №8 и №9 находится в интервале 6.01-7.77%. Самые распространенные в чукотской породе фрагменты средней длины – локусы №3, 5, 6, 7 (15.38-13.17%).

На основании вышеизложенного можно сделать выводы о том, что распределение частот встречаемости маркерных фрагментов у оленей является характерным для домашних северных оленей эвенской и чукотской пород, а также по наиболее часто встречающимся локусам 3, 5, и 6 выявлено сходство у исследуемой группы животных эвенской породы со средними значениями по чукотской породе оленей. В то же время имеются различия по частоте встречаемости локусов исследуемой группы оленей эвенской породы от средних значений частот маркерных локусов у оленей чукотской породы: реже встречается локус 1 на 0,044, локус 7 на 0,028, локус 8 на 0,089; чаще выявляются локус 2 на 0,031, локус 4 на 0,027, локус 9 на 0,60, локус 10 на 0,034. Полученные значения частот генотипов свидетельствуют о достаточно высоком сходстве паттернов у отдельных особей, а, следовательно, и сайтов локализации микросателлитных последовательностей в геноме оленей.

Показатели генетического разнообразия популяций эвенской породы представлены в таблице №3. Среднее число аллелей на локус микросателлитов (μ_{cp}), отражающее внутривидовое разнообразие, по Пареньской популяции составило 9.950±0.112, по Гижигинской – 9.560±0.102 соответственно (Табл. 3).

Аналогичная закономерность наблюдалась и по числу действующих эффективных аллелей (N_e). Этот показатель определяет определенную характеристику структуры аллельного разнообразия популяции по соотношению частот наиболее редких и наиболее частых в выборке аллелей. При равномерном распределении частот аллелей $h_p = 0$, то есть редкие аллели отсутствуют, при неравномерном – всегда $h_p > 0$. В популяциях эвенской породы по данному показателю отмечено умеренное разнообразие аллелей в выборках (табл. 3).

Таблица 3 - Показатели генетического разнообразия популяций оленей эвенской породы

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.49.15.5>

№	Показатель	Популяция
---	------------	-----------

		Ирбычан (Пареньская)	Ирбычан (Гижигинская)
	n	84	58
1	Среднее число аллелей на локус, μ	9,950±0,112	9,560±0,102
2	Число эффективных аллелей, N_e	8,496±0,192	8,280±0,225
3	Коэффициент гомозиготности, S_a	0,118±0,019	0,115±0,113
4	Гетерозиготность ожидаемая, H_o	0,882±0,013	0,883±0,035

Высокая гетерозиготность Пареньской (0.882±0.013) и Гижигинской (0.883±0.035) популяции обосновывается тем, что её пастбища находятся на границе ареалов Приохотской и Камчатской популяций эвенской породы и имеет место обмена оленями-мигрантами.

Значительная гетерозиготность Гижигинской популяции связана с особенностями формирования генофонда в 1990-х годах, когда на территории Северо-Эвенского района существовали три хозяйства, то есть три сельскохозяйственные популяции оленей эвенской породы, отличавшихся генетически различным составом животных. В результате реструктуризации хозяйства эти три популяции соединили в одно муниципальное хозяйство: МУП СХП «Ирбычан».

Показатели генетического разнообразия популяций чукотской породы представлены в таблице №4. Среднее число аллелей на локус микросателлитов (μ_{cp}), отражающее внутривидовое разнообразие, в целом по чукотской породе оказалось равным 9.31. Наиболее высокие значения показателя установлены у оленей популяций: Хатырская (10.16±0.339), у особой популяции Амгуэма отмечено меньшее значение этого показателя (8.71±0.125).

Таблица 4 - Показатели генетического разнообразия популяций оленей чукотской породы

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2024.49.15.6>

№	Показатель	Популяция	
		Амгуэма	Хатырская
1	Среднее число аллелей на локус, μ	8,71±0,125	10,16±0,339
2	Число эффективных аллелей, N_e	8,13±0,210	8,68±0,52
3	Доля редких аллелей, h_r	0,033±0,009	0,076±0,021
4	Коэффициент гомозиготности, S_a	0,123±0,026	0,115±0,037
5	Гетерозиготность ожидаемая, H_o	0,877±0,026	0,885±0,037

Коэффициент гомозиготности (S_a) характеризует степень генетического единообразия (гомогенность) поголовья животных. Величина, обратная степени гомозиготности, представляет собой число действующих эффективных аллелей в популяции. Увеличение степени гомозиготности сопровождается уменьшением числа эффективных аллелей, снижением генетического и фенотипического разнообразия и приводит к повышению однородности популяции.

Параметры гомозиготности популяций Хатырская и Амгуэма составили 0.115±0.037 и 0.123±0.026 соответственно.

Уровень теоретической или ожидаемой гетерозиготности служит показателем аллельного разнообразия популяций и свидетельствует о значительном генетическом разнообразии соответствующих локусов генома в исследованном стаде оленей. С 2014 по 2020 годы в популяциях оленей Чукотки показатель ожидаемой гетерозиготности оказался на высоком уровне: 0.885±0.037 - 0.877±0.026.

В обследованных популяциях Чукотки данный генетический параметр внутривидового разнообразия достаточно высокий, что является следствием обмена племенным материалом между стадами и хозяйствами. В 2002 году в Камчатском крае и Якутии было куплено и влито в олени стада Чукотки 1325 голов неродственных групп чукотской породы. Значительный уровень гетерозиготности дает преимущество животным по адаптивным признакам и обеспечивает устойчивость популяции [14], [15].

Полученные результаты свидетельствуют о том, что распределение частот встречаемости маркерных фрагментов у оленей, принадлежащих СХП «Ирбычан» и МУП СХП «Хатырское», «Амгуэма» является характерным для домашних северных оленей эвенской и чукотской пород.

Заключение

В результате проведённого многолетнего генетического мониторинга получена информация о генетической характеристике различных популяций эвенской и чукотской пород и в разные временные периоды. Частота ISSR-маркеров позволила определить параметры генеральной совокупности по эвенской и чукотской породам, для которых характерна полиморфность всех обнаруженных локусов. Частоты встречаемости ISSR-маркеров существенно варьируют от популяции к популяции и от маркера к маркеру.

Поскольку отдельные фрагменты ДНК присутствовали у оленей всех популяций, можно предположить, что для эвенской породы спектр из 3-х ампликонов №3, 5, 6, а для чукотской – из 4-х ампликонов: №3, №5, №6, №7 является типичным.

Генетическая изменчивость ISSR-маркеров в популяциях свидетельствует о значительном сходстве между ними по большинству аллельных частот, что подтверждает общность происхождения, хозяйственного и племенного использования оленей эвенской и чукотской породы.

Впервые получен значительный объем информации о генетических характеристиках популяций домашних северных оленей Магаданской области и Чукотки, имеющий актуальное научное и практическое значение для дальнейшего совершенствования селекционно-племенной работы в оленеводстве Крайнего Севера Дальнего Востока России.

Конфликт интересов

Не указан.

Рецензия

Все статьи проходят рецензирование. Но рецензент или автор статьи предпочли не публиковать рецензию к этой статье в открытом доступе. Рецензия может быть предоставлена компетентным органам по запросу.

Conflict of Interest

None declared.

Review

All articles are peer-reviewed. But the reviewer or the author of the article chose not to publish a review of this article in the public domain. The review can be provided to the competent authorities upon request.

Список литературы / References

1. Актуальные вопросы селекционно-племенной работы в оленеводстве Крайнего Северо-Востока России. — Магадан: МАОБТИ, 2023. — 183 с.
2. Харзинова В. Анализ современного генетического разнообразия и структуры популяции домашнего северного оленя (*Rangifer tarandus*) в России / В. Харзинова, А. Доцев, А. Соловьева [и др.] // Животные. — 2020. — № 10 (8). — С. 1309. — DOI: 10.3390/ani10081309.
3. Южаков А.А. Северное оленеводство в XXI в.: генетический ресурс, культурное наследие и бизнес / А.А. Южаков // Арктика: экология и экономика. — 2017. — № 2 (26). — С. 131–137. — DOI: 10.25283/2223-4594-2017-2-131-137.
4. Сёмина М.Т. Анализ генетического разнообразия и популяционной структуры ненецкой аборигенной породы северных оленей на основе микросателлитных маркеров / М.Т. Сёмина, С.Н. Каштанов, О.В. Бабаян [и др.] // Генетика. — 2022. — № 8. — С. 954–966. — DOI: 10.31857/S0016675822080069.
5. Харзинова В.Р. Эволюция методов оценки биоразнообразия Северного оленя (*Rangifer tarandus*) (обзор) / В.Р. Харзинова, Т.Е. Денискова, А.А. Сермягин [и др.] // Сельскохозяйственная биология. — 2017. — Т. 52. — № 6. — С. 1083–1093. — DOI: 10.15389/агробиология.2017.6.1083рус.
6. Романенко Т.М. Сравнительная характеристика микропопуляций северных оленей ненецкой породы Малоземельской тундры НАО / Т.М. Романенко, В.Р. Харзинова, К.А. Лайшев // Генетика и разведение животных. — 2020. — № 2. — С. 37–43. — DOI: 10.31043/2410-2733-2020-2-37-43.
7. Брызгалов Г.Я. Оленеводство в Чукотском автономном округе к 2020 году и основные направления его стабилизации / Г.Я. Брызгалов, А.М. Кузьмин, А.В. Кудрявцев // IOP Conf. Ser.: Окружающая среда Земли. Sci. — 2020. — № 547. — С. 012019. — DOI: 10.1088/1755-1315/547/1/012019.
8. Брызгалов Г. Селекционно-племенная работа в северном оленеводстве (к изменению парадигмы развития) / Г. Брызгалов, Л. Игнатович // Генетика и разведение животных. — 2021. — № 4. — С. 29–36. — DOI: 10.31043/2410-2733-2021-4-29-36.
9. Харзинова В.Р. Генетическое разнообразие и популяционная структура домашнего и дикого северного оленя (*Rangifer tarandus* L. 1758): новый подход с использованием бычьего биочипа / В.Р. Харзинова, А.В. Доцев, Т.Е. Денискова [и др.] // PLoS ONE. — 2018. — Т. 13. — № 11. — С. 0207944. — DOI: 10.1371/journal.pone.0207944.
10. Тараканец Л.Д. Генетическая структура популяции северного оленя (*rangifer tarandus*) Тюменской области / Л.Д. Тараканец, Я.А. Кабицкая, Л.А. Глазунова [и др.] // Вестник Рязанского государственного агротехнологического университета имени П.А. Костычева. — 2022. — Т. 14. — № 2. — С. 97–108. — DOI: 10.36508/RSATU.2022.54.2.012.
11. Иванов Р.В. Генофонд аборигенных пород животных республики Саха (Якутия) / Р.В. Иванов, В.В. Романова, В.И. Фёдоров [и др.] // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. — 2018. — № 5. — С. 86–94. — DOI: 10.26898/0370-8799-2018-5-11.
12. Денискова Т.Е. Генетическая характеристика региональных популяций ненецкой породы Северного оленя (*Rangifer tarandus*) / Т.Е. Денискова, В.Р. Харзинова, А.В. Доцев [и др.] // Сельскохозяйственная биология. — 2018. — Т. 53. — № 6. — С. 1152–1161. — DOI: 10.15389/агробиология.2018.6.1152рус.
13. Брызгалов Г.Я. Генетическая структура популяций северных оленей Магаданской области / Г.Я. Брызгалов // Дальневосточный аграрный вестник. — 2018. — № 3(47). — С. 52–58.

14. Додохов В.В. Генетическая характеристика чукотской породы оленей на территории Якутии / В.В. Додохов, Н.И. Павлова, Т.Д. Румянцева [и др.] // Генетика и разведение животных. — 2020. — № 3. — С. 27–32. — DOI: 10.31043/2410-2733-2020-3-27-32.

15. Харзинова В.Р. Популяционно-генетические характеристики домашних северных оленей в Республике Якутия на основе общегеномного анализа SNP / В.Р. Харзинова, А.В. Доцев, А.Д. Соловьева [и др.] // Сельскохозяйственная биология. — 2017. — Т. 52. — № 4. — С. 669–678. — DOI: 10.15389/агробиология.2017.4.669рус.

Список литературы на английском языке / References in English

1. Aktual'nye voprosy selekcionno-plemennoj raboty v olenevodstve Krajnego Severo-Vostoka Rossii [Topical issues of selection and breeding work in reindeer breeding in the Far North-East of Russia]. — Magadan: MAOBTI, 2023. — 183 p. [in Russian]

2. Harzinova V. Analiz sovremennogo geneticheskogo raznoobrazija i struktury populjacji domashnego severnogo olenja (Rangifer tarandus) v Rossii [Analysis of modern genetic diversity and population structure of domestic reindeer (Rangifer tarandus) in Russia] / V. Harzinova, A. Docev, A. Solov'eva [et al.] // Zhivotnye [Animals]. — 2020. — № 10 (8). — P. 1309. — DOI: 10.3390/ani10081309. [in Russian]

3. Juzhakov A.A. Severnoe olenevodstvo v XXI v.: geneticheskij resurs, kul'turnoe nasledie i biznes [Northern reindeer breeding in the XXI century: genetic resource, cultural heritage and business] / A.A. Juzhakov // Arktika: jekologija i jekonomika [Arctic: Ecology and Economics]. — 2017. — № 2 (26). — P. 131–137. — DOI: 10.25283/2223-4594-2017-2-131-137. [in Russian]

4. Sjomina M.T. Analiz geneticheskogo raznoobrazija i populjacionnoj struktury neneckoj aborigennoj porody severnyh oleney na osnove mikrosatellitnyh markerov [Analysis of genetic diversity and population structure of the Nenets aboriginal breed of reindeer on the basis of microsatellite markers] / M.T. Sjomina, S.N. Kashtanov, O.V. Babajan [et al.] // Genetika [Genetics]. — 2022. — № 8. — P. 954–966. — DOI: 10.31857/S0016675822080069. [in Russian]

5. Harzinova V.R. Jevoljucija metodov ocenki bioraznoobrazija Severnogo olenja (Rangifer tarandus) (obzor) [Evolution of methods for assessing the biodiversity of the Northern Reindeer (Rangifer tarandus) (review)] / V.R. Harzinova, T.E. Deniskova, A.A. Sermjagin [et al.] // Sel'skohozjajstvennaja biologija [Agricultural Biology]. — 2017. — Vol. 52. — № 6. — P. 1083–1093. — DOI: 10.15389/агробиология.2017.6.1083rus. [in Russian]

6. Romanenko T.M. Sravnitel'naja harakteristika mikropopuljacij severnyh oleney neneckoj porody Malozemel'skoj tundry NAO [Comparative characteristics of micro-populations of reindeer of Nenets breed of the Malozemel'skaya tundra of NAO] / T.M. Romanenko, V.R. Harzinova, K.A. Lajshev // Genetika i razvedenie zhivotnyh [Genetics and breeding of animals]. — 2020. — № 2. — P. 37–43. — DOI: 10.31043/2410-2733-2020-2-37-43. [in Russian]

7. Bryzgalov G.Ja. Olenevodstvo v Chukotskom avtonomnom okruge k 2020 godu i osnovnye napravlenija ego stabilizacii [Reindeer breeding in the Chukotka Autonomous Okrug by 2020 and the main directions of its stabilization] / G.Ja. Bryzgalov, A.M. Kuz'min, A.V. Kudrjavcev // IOP Conf. Ser.: Okruzhajushhaja sreda Zemli [Earth Environment], Sci. — 2020. — № 547. — P. 012019. — DOI: 10.1088/1755-1315/547/1/012019. [in Russian]

8. Brizgalov G. Selekcionno-plemennaja rabota v severnom olenevodstve (k izmeneniju paradigmy razvitija) [Breeding and pedigree work in northern reindeer breeding (to change the paradigm of development)] / G. Brizgalov, L. Ignatovich // Genetika i razvedenie zhivotnyh [Genetics and breeding of animals]. — 2021. — № 4. — P. 29–36. — DOI: 10.31043/2410-2733-2021-4-29-36. [in Russian]

9. Harzinova V.R. Geneticheskoe raznoobrazie i populjacionnaja struktura domashnego i dikogo severnogo olenja (Rangifer tarandus L. 1758): novyj podhod s ispol'zovaniem bych'ego biochipa [Genetic diversity and population structure of domestic and wild reindeer (Rangifer tarandus L. 1758): a new bovine biochip approach] / V.R. Harzinova, A.V. Docev, T.E. Deniskova [et al.] // PLoS ONE. — 2018. — Vol. 13. — № 11. — P. 0207944. — DOI: 10.1371/journal.pone.0207944. [in Russian]

10. Tarakanec L.D. Geneticheskaja struktura populjacji severnogo olenja (rangifer tarandus) Tjumenskoj oblasti [Genetic structure of the population of the reindeer (rangifer tarandus) of Tyumen Oblast] / L.D. Tarakanec, Ja.A. Kabickaja, L.A. Glazunova [et al.] // Vestnik Rjazanskogo gosudarstvennogo agrotehnologicheskogo universiteta imeni P.A. Kostycheva [Bulletin of Ryazan State Agrotechnological University named after P.A. Kostychev]. — 2022. — Vol. 14. — № 2. — P. 97–108. — DOI: 10.36508/RSATU.2022.54.2.012. [in Russian]

11. Ivanov R.V. Genofond aborigennyh porod zhivotnyh respubliki Saha (Jakutija) [Gene pool of indigenous animal breeds of the Republic of Sakha (Yakutia)] / R.V. Ivanov, V.V. Romanova, V.I. Fjodorov [et al.] // Sibirskij vestnik sel'skohozjajstvennoj nauki [Siberian Bulletin of Agricultural Science]. — 2018. — № 5. — P. 86–94. — DOI: 10.26898/0370-8799-2018-5-11. [in Russian]

12. Deniskova T.E. Geneticheskaja harakteristika regional'nyh populjacij neneckoj porody Severnogo olenja (Rangifer tarandus) [Genetic characterization of regional populations of the Nenets breed of the Northern Reindeer (Rangifer tarandus)] / T.E. Deniskova, V.R. Harzinova, A.V. Docev [et al.] // Sel'skohozjajstvennaja biologija [Agricultural Biology]. — 2018. — Vol. 53. — № 6. — P. 1152–1161. — DOI: 10.15389/агробиология.2018.6.1152rus. [in Russian]

13. Bryzgalov G.Ja. Geneticheskaja struktura populjacij severnyh oleney Magadanskoj oblasti [Genetic structure of reindeer populations in Magadan Oblast] / G.Ja. Bryzgalov // Dal'nevostochnyj agrarnyj vestnik [Far Eastern Agrarian Bulletin]. — 2018. — № 3(47). — P. 52–58. [in Russian]

14. Dodohov V.V. Geneticheskaja harakteristika chukotskoj porody oleney na territorii Jakutii [Genetic characterization of the Chukchi breed of reindeer in Yakutia] / V.V. Dodohov, N.I. Pavlova, T.D. Rumjanceva [et al.] // Genetika i razvedenie zhivotnyh [Genetics and Animal Breeding]. — 2020. — № 3. — P. 27–32. — DOI: 10.31043/2410-2733-2020-3-27-32. [in Russian]

15. Harzinova V.R. Populjacionno-geneticheskie harakteristiki domashnih severnyh oleney v Respublike Jakutija na osnove obshhegenomnogo analiza SNP [Population and genetic characteristics of domestic reindeer in the Republic of Yakutia based on genome-wide SNP analysis] / V.R. Harzinova, A.V. Docev, A.D. Solov'eva [et al.] // *Sel'skhozjajstvennaja biologija* [Agricultural Biology]. — 2017. — Vol. 52. — № 4. — P. 669–678. — DOI: 10.15389/agrobiologija.2017.4.669rus. [in Russian]