

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ДОМАШНИХ СЕВЕРНЫХ ОЛЕНЕЙ ЭВЕНКИЙСКОЙ ПОРОДЫ АНАБАРСКОГО РАЙОНА

Додохов Владимир Владимирович

Кандидат биологических наук, главный научный сотрудник

Арктический государственный агротехнологический университет

г. Якутск, Россия

e-mail: dodoxv@mail.ru

Платонов Терентий Афанасьевич

Кандидат биологических наук, доцент

Арктический государственный агротехнологический университет

г. Якутск, Россия

Аннотация. Исследование генетического разнообразия домашних северных оленей Якутии (*Rangifer tarandus*) направлено на анализ генетической структуры популяций и факторов, влияющих на сохранение генетических ресурсов. Целью работы является изучение микросателлитного профиля домашних северных оленей эвенкийской породы. Методы включают молекулярно-генетические анализы (микросателлитов) и статистические методы для оценки генетической структуры. Генетическое разнообразие оценивали путем анализа микросателлитов, позволяющих определить численность аллелей (N_a) и эффективных аллелей (N_e), а также оценить наблюдаемую (H_o) и ожидаемую (H_e) гетерозиготность. Результаты показывают, что сохранение генетического разнообразия критически важно для устойчивости популяций и могут быть использованы для разработки рекомендаций по улучшению практики племенного дела. Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 25-26-20156, <https://rscf.ru/project/25-26-20156/>.

Ключевые слова: эвенкийская порода, домашние северные олени, генетическое разнообразие, генетика оленей, анализ генетической структуры.

GENETIC DIVERSITY OF DOMESTIC REINDEER OF THE EVENK BREED OF THE ANABAR DISTRICT

Dodokhov Vladimir Vladimirovich,

Cand. Sci. (Biology), Chief Researcher, Arctic State Agrotechnological University,
Yakutsk, Russia, dodoxv@mail.ru

Platonov Terentiy Afanasyevich,

Cand. Sci. (Biology), Arctic State Agrotechnological University, Yakutsk, Russia

Abstract. The study of genetic diversity in domestic reindeer from Yakutia (*Rangifer tarandus*) aims to analyze the genetic structure of populations and factors influencing the conservation of genetic resources. The objective is to investigate the microsatellite profile of Evenk breed domesticated reindeer. Methods include molecular-genetic analyses (microsatellites) and statistical methods for assessing genetic structure. Genetic diversity was evaluated by analyzing microsatellites, which allow determining allele numbers (Na) and effective alleles (Ne), as well as observed (Ho) and expected (He) heterozygosity. The results indicate that preserving genetic diversity is critically important for population sustainability and can be used to develop recommendations for improving breeding practices. This research was supported by a grant from the Russian Science Foundation (project number 25-26-20156). <https://rscf.ru/project/25-26-20156/>.

Keywords: evenk breed, domestic reindeer, genetic diversity, deer genetics, analysis of genetic structure.

ВВЕДЕНИЕ. Исследование генетического разнообразия домашних северных оленей Якутии (*Rangifer tarandus*) имеет важное значение для понимания генетической структуры популяций и факторов, влияющих на сохранение генетических ресурсов. Это особенно актуально в условиях изменения климата и антропогенного воздействия, которые могут угрожать устойчивости популяций. Анализ генетической изменчивости и дифференциации между популяциями позволяет выявить ключевые аспекты, такие как уровень генетической изменчивости и влияние экологических факторов на генетическую устойчивость [8].

Классические методы исследования генетического разнообразия включают молекулярно-генетические анализы, такие как секвенирование ДНК и анализ микросателлитов. Эти методы позволяют оценить генетическую структуру популяций и выявить различия между ними. Использование микросателлитных маркеров позволяет определить уровень генетической изменчивости и дифференциации между дикими и домашними популяциями северных оленей, что важно для понимания их генетической структуры и разработки стратегий охраны [2,5,6].

Инновационные подходы включают использование геномных массивов и технологий секвенирования нового поколения, которые позволяют проводить более детальный анализ генетической структуры популяций. Эти методы обеспечивают более высокую разрешающую способность и позволяют выявлять

тонкие генетические различия, которые могут быть не видны при использовании традиционных методов.

Понимание генетического разнообразия и структуры популяций северных оленей имеет важное значение для их устойчивости и адаптации к изменяющимся условиям среды [1,7]. Это требует комплексного подхода, включающего как классические, так и инновационные методы генетического анализа. Будущие исследования должны быть направлены на изучение генетических механизмов адаптации и разработку эффективных стратегий охраны, что будет способствовать сохранению генетических ресурсов и устойчивости популяций.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ. Объектом исследования послужили домашние северные олени эвенкийской породы, разводимые в МУОПП «Арктика» Анабарского национального (долгано-эвенкийского) улуса. Генотипирование проведено панелью включающей 16 микросателлитных маркеров и полспецифичного маркера SRY северного оленя. (ООО «Гордиз», Россия), амплификация материала на термоциклире «T100» (Bio-Rad, США), микросателлитный профиль получен, используя генетический анализатор капиллярного электрофореза LOCUS Seqtor 1616 (ООО «Компания Хеликон», Россия), в лаборатории ДНК-технологий ФГБНУ ВНИИПлем.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ. Результаты генотипирования выявили наличие 126 аллелей в Анабарской субпопуляции эвенкийской породы, число аллелей частота встречаемости который $\geq 5\%$ составило 92 (табл. 1). Наименьшее количество аллелей выявлено в локусах C143, C217 (по 3). Высокую полиморфность показал локус OheQ, из 16 выявленных аллелей у 11 частота встречаемости составила $\geq 5\%$ с доминированием в генотипе аллели 311 п.н. (частота 0,226).

Таблица 1

**Частота встречаемости 16 микросателлитных маркеров у оленей
эвенкийской породы Анабарского района**

Локус	Аллель	Частота	Локус	Аллель	Частота	Локус	Аллель	Частота
BMS1788	144	0,113	BMST45	126	0,052	Rt6	198	0,065
	146	0,242		132	0,603		200	0,065
	150	0,097		134	0,241		202	0,290
	152	0,081		136	0,086		204	0,129
	154	0,290		354	0,097		206	0,306
	156	0,113		356	0,081		208	0,081
	158	0,048		418	0,065		242	0,194
FCB193	126	0,050	C276	420	0,081	Rt7	244	0,081
	128	0,333		430	0,290		246	0,065
	132	0,100		434	0,258		252	0,387
	134	0,050		241	0,065		254	0,194
	Rt1							

	136	0,217		247	0,290	Rt9	133	0,133	
	140	0,200		249	0,097		143	0,250	
NVHRT16	206	0,241		251	0,274		147	0,100	
	208	0,130		253	0,129		149	0,017	
	214	0,296		263	0,081		151	0,083	
	216	0,259		236	0,133		153	0,317	
	281	0,065	Rt24	244	0,067		155	0,067	
	285	0,081		248	0,067	T40	259	0,145	
OheQ	287	0,097		252	0,433		267	0,661	
	303	0,065		254	0,067		271	0,048	
	306	0,065		256	0,150	C217	215	0,839	
	307	0,081	Rt30	205	0,210		217	0,048	
	311	0,226		207	0,097		219	0,113	
	315	0,048		209	0,081	C143	176	0,323	
	319	0,048		211	0,242		180	0,597	
	327	0,048		213	0,048		184	0,081	
	335	0,065		215	0,081	C32	298	0,052	
В таблице представлены аллели с частотой встречаемости $\geq 5\%$				217	0,065		300	0,138	
				219	0,113		306	0,379	
				223	0,065		322	0,397	

Исследование показало значительное генетическое разнообразие у большинства изученных локусов. Наиболее высоким уровнем разнообразия характеризуются локусы OheQ, C276 и BMS1788, что является положительным фактором для адаптации популяции к изменениям окружающей среды. Однако отдельные локусы, такие как C217 и T40, показывают низкий уровень генетического разнообразия, что требует внимания при управления стадом (табл. 2).

Таблица 2

**Полиморфизм 16 микросателлитных маркеров у оленей
эвенкийской породы Анабарского района**

Локус	Na	Ne	Но	Не	Fis
BMS1788	8,000	5,354	0,677	0,813	0,167
BMST45	5,000	2,310	0,586	0,567	-0,034
C143	3,000	2,143	0,548	0,533	-0,028
C217	3,000	1,392	0,129	0,281	0,542
C276	11,000	5,523	0,806	0,819	0,015
C32	5,000	3,086	0,448	0,676	0,337
FCB193	9,000	4,675	0,733	0,786	0,067
NVHRT16	7,000	4,314	0,741	0,768	0,036

OheQ	16,000	10,010	0,774	0,900	0,140
Rt1	9,000	5,058	0,677	0,802	0,156
Rt24	9,000	4,100	0,733	0,756	0,030
Rt30	9,000	6,744	0,903	0,852	-0,060
Rt6	8,000	4,722	0,871	0,788	-0,105
Rt7	8,000	4,206	0,742	0,762	0,027
Rt9	8,000	4,918	0,633	0,797	0,205
T40	8,000	2,150	0,581	0,535	-0,086

По результатам проведенного анализа получены следующие ключевые показатели (рис. 1): среднее число аллелей (Na) составило 7,875, что свидетельствует о значительном генетическом разнообразии внутри популяции, количество аллелей с частотой встречаемости $\geq 5\%$ ($Na\ Freq. \geq 5\%$) равнялось 5,125, среднее эффективное число аллелей (Ne) достигло величины 4,419, что также подтверждает наличие достаточного уровня генетического разнообразия. Средняя ожидаемая гетерозиготность (He) составила 0,715, индекс фиксации 0,088, показывая высокие уровни генетической вариации и низкую вероятность инбридинга.

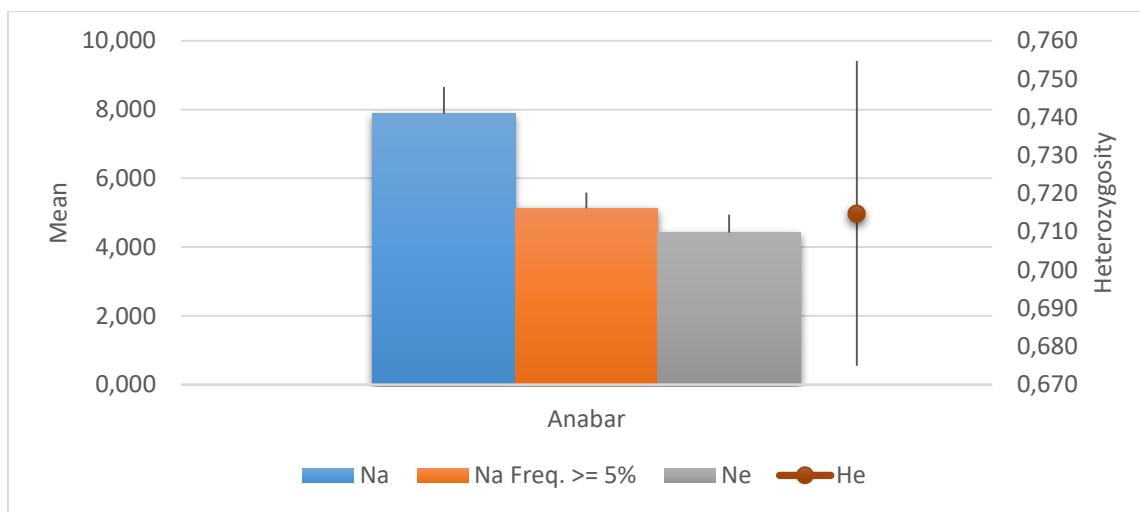


Рис. 1. Популяционно-генетическая характеристика домашних северных оленей эвенкийской породы Анабарского района

Проведенный молекулярно-генетический анализ позволил выявить количественное распределение аллелей и эффективно проанализировать структуру субпопуляции на уровне хозяйства. Анализ показал значительное количество вариаций по различным локусам ДНК, что свидетельствует о высоком уровне внутрипопуляционного разнообразия. Это подтверждает наличие значительной

генетической базы, способствующей адаптации и выживанию оленей в экстремальных климатических условиях Севера.

Ранее проведенные исследования [3,4] генетического разнообразия домашних северных оленей выявили некоторые признаки снижения общей генетической разнородности, особенно в небольших изолированных группах животных. Такое снижение разнообразия потенциально увеличивает риск появления генетических заболеваний и снижает способность популяции адаптироваться к изменениям окружающей среды. Важно отметить, что этот процесс усугубляется факторами антропогенной нагрузки и изменениями климата, оказывая дополнительное давление на существующие популяции оленей.

Для сохранения генетического разнообразия и повышения продуктивности домашних северных оленей рекомендуется разработка стратегии управления генетическими ресурсами, включающей рациональное использование имеющихся генетических ресурсов, проведение селекции на основе результатов генетического тестирования, разработку мер защиты мест традиционной хозяйственной деятельности и поддержку традиционных способов хозяйствования коренных народов Севера.

ВЫВОДЫ. Данное исследование подчеркивает важность понимания генетической структуры популяций домашних северных оленей для принятия обоснованных решений по устойчивому развитию животноводства в регионе. Оно служит основой для дальнейших исследований и практических мероприятий, направленных на поддержание биоразнообразия и повышение эффективности воспроизводства пород домашних северных оленей. Необходимость комплексного подхода к охране генетических ресурсов становится очевидной, учитывая глобальные изменения окружающей среды и угрозы, возникающие перед отраслью в современных условиях.

Список литературы

1. Kantanen J., Løvendahl P., Strandberg E., Eythorsdottir E., Li M. H., Kettunen-Præbel A., Berg P., Meuwissen T. Utilization of farm animal genetic resources in a changing agro-ecological environment in the Nordic countries // Frontiers in Genetics. 2015. Vol. 6. No. 52. Pp. 1–9. DOI: 10.3389/fgene.2015.00052
2. Брызгалов Г.Я., Витомская Е.А., Гинтер Е.В. Ассоциации живой массы и генотипического разнообразия популяций оленей чукотской и эвенской пород Крайнего Северо-Востока России. Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. 2025;55(9):68-74. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2025-9-7>
3. Додохов В. В., Румянцева Т. Д. Генетическое взаимодействие между завезенными и местными оленями в Якутии: анализ популяционных параметров. Зоотехния. 2025. №8. с. 2-5.

4. Додохов В.В., Махатыров М.В. Генетическая характеристика эвенкийской породы оленей по микросателлитным локусам ДНК// Вестник АГАТУ. 2021. № 2 (2). С. 21-26.
5. Матюков В. С., Жариков Я. А. Генетическое разнообразие домашнего северного оленя по маркерам двух типов // Аграрный вестник Урала. 2022. № 11 (226). С. 46–57. DOI: 10.32417/1997-4868- 2022-226-11-46-57.
6. Митрофанова О.В. Оценка возможности использования микросателлитных маркеров у северного оленя *rangifer tarandus* / О.В. Митрофанова, Н.В. Дементьева, О.К. Зозуля, В.В. Гончаров // Материалы Всероссийской научнопрактической конференции «Проблемы освоения и сохранения Арктики», Санкт-Петербург, 20 марта 2015. – С.117-118.
7. Разработка мультиплексной панели микросателлитов для оценки достоверности происхождения и степени дифференциации популяций северного оленя (*Rangifertarandus*) / В.Р. Харзинова [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2015. – № 50(6). – С. 756–765.
8. Соловьева А.Д., Харзинова В.Р., Денискова Т.Е., Зиновьева Н.А. Исследование генетической структуры домашних и диких северных оленей Республики Саха (Якутия) с использованием STR-анализа. Генетика и разведение животных. 2022;(3):5-11. <https://doi.org/10.31043/2410-2733-2022-3-5-11>

© Додохов В.В., Платонов Т.А., 2025