

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2025.153.100>**ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИЙ ЭВЕНКИЙСКОЙ ПОРОДЫ СЕВЕРНОГО ОЛЕНЯ: АНАЛИЗ МИКРОСАТЕЛЛИТОВ**

Научная статья

Харзинова В.Р.^{1,*}, Кошкина О.А.²²ORCID : 0000-0003-4830-6626;^{1,2}Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, Подольск, Российская Федерация

* Корреспондирующий автор (veronika0784[at]mail.ru)

Аннотация

В Российской Федерации, из четырех утвержденных пород домашних северных оленей, эвенкийская порода считается не только самой древней и малоизученной, но и самой малочисленной, что обуславливает повышение риска генетического замыкания в породе и, как следствие, изменение уровня генетического разнообразия, снижение которого может привести к сужению возможностей популяции использования внутренних ресурсов для дальнейшего развития без привлечения постороннего генетического материала. Одним из современных подходов оценки состояния генетического разнообразия и структуры популяции является анализ полиморфизма микросателлитов. В настоящем исследовании мы поставили цель не только дать характеристику состояния генетического разнообразия эвенкийской породы северного оленя, разводимой на территории Красноярского края и Республики Саха (Якутия), но и также оценить генетическую структуру породы в сравнительном аспекте с другими породами северного оленя, а также популяциями дикого северного оленя. Анализ основных параметров аллельного и генетического разнообразия показал, что эвенкийские олени Якутии характеризуются более высоким уровнем генетического разнообразия, а также значения коэффициента инбридинга указывали на недостоверные отклонения количества гетерозигот от теоретически ожидаемого. В то время как выборка северных оленей эвенкийской породы красноярской популяции проиллюстрировала средний уровень генетической изменчивости. Однако именно в этой группе были детектированы максимальные положительные значения коэффициента инбридинга, дальнейшее накопление которого, может оказать влияние на локальные адаптации и коадаптированные генные комплексы, что в конечном итоге повлияет на устойчивость популяции к неблагоприятным условиям среды. Кластерный анализ выявил интересные закономерности в генетической структуре данной породы. Якутская популяция породы характеризовалась наиболее генетически однородной структурой, в то время как красноярская популяция продемонстрировала отсутствие четкой генетической консолидированности и наличие в своем кластере генетических компонентов, как кластера эвенкийской породы Якутии, так и ненецкой породы. Полученные результаты рекомендуется использовать для реализации программ сохранения, стабилизации и увеличения племенного поголовья эвенкийской породы домашнего северного оленя.

Ключевые слова: северный олень, эвенкийская порода, генетическое разнообразие, структура популяции, микросателлиты, STR.

EVALUATION OF GENETIC DIVERSITY AND GENETIC STRUCTURE OF EVENK REINDEER POPULATIONS: MICROSATELLITE ANALYSIS

Research article

Kharzinova V.R.^{1,*}, Koshkina O.A.²²ORCID : 0000-0003-4830-6626;^{1,2}Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academician L.K. Ernst, Podolsk, Russian Federation

* Corresponding author (veronika0784[at]mail.ru)

Abstract

In the Russian Federation, of the four approved breeds of domestic reindeer, the Evenk breed is considered not only the oldest and least studied, but also the least numerous, which increases the risk of genetic isolation in the breed and, as a consequence, changes in the level of genetic diversity, the reduction of which may lead to a narrowing of the population's ability to use internal resources for further development without attracting foreign genetic material. One of the modern approaches to evaluate the state of genetic diversity and population structure is the analysis of microsatellite polymorphism. In the present study, we aimed not only to characterise the state of genetic diversity of the Evenk breed of reindeer bred in the Krasnoyarsk Krai and the Republic of Sakha (Yakutia), but also to assess the genetic structure of the breed in a comparative aspect with other breeds of reindeer and wild reindeer populations. The analysis of the main parameters of allelic and genetic diversity showed that Evenk reindeer of Yakutia are characterised by a higher level of genetic diversity, and also the values of the inbreeding coefficient indicated non-significant deviations of the number of heterozygotes from the theoretically expected. While the sample of Evenk reindeer from the Krasnoyarsk population illustrated an average level of genetic variability. However, it was in this group that the maximum positive values of the inbreeding coefficient were detected, the further accumulation of which may affect local adaptations and co-adapted gene complexes, which will ultimately affect the population's resistance to unfavourable environmental conditions. Cluster analysis identified interesting regularities in the genetic structure of this breed. The Yakutian population of the breed was characterised by the most genetically homogeneous

structure, while the Krasnoyarsk population demonstrated the lack of clear genetic consolidation and the presence in its cluster of genetic components of both the cluster of the Evenk breed of Yakutia and the Nenets breed. The results obtained are recommended to be used for the implementation of programmes to preserve, stabilise and increase the breeding stock of the Evenk breed of domestic reindeer.

Keywords: reindeer, Evenk breed, genetic diversity, population structure, microsatellites, STR.

Введение

Северный олень (*Rangifer tarandus* L., 1758) – единственный представитель рода *Rangifer* и важный элемент экосистемы Севера [1]. Устойчивость экосистем связана с сохранением, увеличением и использованием биоразнообразия. Сведения о генетической изменчивости и процессах, лежащих в основе происхождения и сохранения видов, играют ключевую роль в понимании структуры и динамики популяций. Поддержание в популяциях оптимальной степени генетической и гетерозиготности необходимо для сохранения способности животных адаптироваться к условиям окружающей среды (изменениям климата, отрицательному действию вредных веществ) Высокое генетическое разнообразие обеспечивает эволюционную приспособленность популяции [2].

Степень генетической изменчивости между и внутри популяций коррелирует с их демографической историей, а также с факторами окружающей среды [3]. Сведения о генетической структуре популяций способствуют лучшему пониманию, как базовых механизмов эволюции (отбор, мутации, перемещение особей, случайные изменения в геноме) в условиях стресса, так и принятию необходимых мер по восстановлению и рациональному использованию видов [4]. Для корректной оценки состояния генетического разнообразия и структуры популяция актуальным является применение молекулярных методов и подходов молекулярно-генетического анализа [5]. Одним из таких подходов является анализ микросателлитных последовательностей ДНК. Микросателлиты – это широко используемая система маркеров для оценки генетического разнообразия в популяционно-генетических исследованиях, и часто предполагается, что они отражают разнообразие таксона на уровне всего генома [6]. С момента их обнаружения в 1980-х годах, использование микросателлитов линейно росло, и в настоящее время они широко применяются, например, в генетике сохранения видов, судебно-медицинском анализе ДНК, установлении отцовства и исследованиях нейтральной генетической структуры популяций [7].

В России домашняя популяция северного оленя представлена четырьмя породами, из которых эвенкийская порода считается самой древней и малоизученной из всех известных пород. Ареал обитания этой породы охватывает территорию Красноярского края, Тувы, Бурятии, Якутии (левобережье Лены и южные районы), Хабаровском крае Иркутской, Читинской, Амурской, Сахалинской областей. При этом основное поголовье сосредоточено в Красноярском крае и районах Якутии.

На основании генетической изменчивости микросателлитов исследована генетическая структура региональных популяций ненецкой [8], чукотской [9] и эвенской [10] пород. Однако исследования генетических особенностей региональных популяций эвенкийской породы ранее не проводились.

Целью настоящей работы являлась оценка уровня генетического разнообразия и генетической структуры эвенкийской породы северного оленя, разводимой на территории Красноярского края и Республики Саха (Якутия) в сравнительном аспекте с другими породами северного оленя, а также популяциями дикого северного оленя, на основании анализа микросателлитов.

Материал и методы

В качестве биологического материала были использованы образцы ткани (фрагменты ушной раковины) эвенкийской породы северного оленя, разводимой на территории Красноярского края (EVK_KRA, n = 16) и Республики Саха (Якутия) (EVK_YAK, n = 18). Также в исследования были включены STR-профили пород: ненецкой (NEN, n = 40), эвенской (EVN, n = 33) и чукотской (CHU, n=40). Кроме этого, принимая во внимание факт важной особенности вида – совместное существования домашней и дикой форм [11], в исследования были включены микросателлитные генотипы диких северных оленей полуострова Таймыра (WLD_T, n=37), районов Якутии (WLD_Y, n=42) и Красноярского края (WLD_KRS, n=18). Таким образом, настоящие исследования включали анализ 256 образцов северных оленей.

Биологический материал и STR-профили были взяты в генетическом банке УНУ «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы» в составе сетевой биоресурсной коллекции СБРК СХЖ (соглашение с Минобрнауки России № 075-15-2021-1037 от 28 сентября 2021 г.), созданной и поддерживаемой в ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. Выделение ДНК проводили с помощью наборов ДНК-Экстран-2 (ЗАО «Синтол», Россия), в соответствии с инструкцией производителя.

Мультиплексный анализ девяти локусов микросателлитов (NVHRT21, NVHRT24, NVHRT76, RT1, RT6, RT7, RT9), проводили на генетическом анализаторе «НАНОФОР 05» (НПК «Синтол», Россия) с последующим определением длин аллелей микросателлитов в программном обеспечении GeneMarker v. 3.0.1. Для обработки полученных результатов формировали матрицу генотипов в программе Microsoft Excel. Анализ внутрипопуляционных параметров включал расчеты показателей аллельного (среднее число аллелей на локус (N_A), эффективное число аллелей (N_E)) и генетического разнообразия (наблюдаемая (H_o) и ожидаемая (H_e) гетерозиготность и коэффициент инбридинга (F_{is})). Генетическую структуру эвенкийской породы северного оленя оценивали с использованием модели Admixture [13], с использованием смешанной модели (число предполагаемых кластеров, K – от 1 до 10; длина burn-in периода – 100 000; модель Марковских цепей Монте-Карло — 100 000). Определение оптимального количества кластеров (ΔK) для исследованной выборки рыб, было выполнено с использованием приложения STRUCTURE HARVESTER [14], согласно методу [15]. Статистическую обработку данных проводили с использованием пакета MS Excel 2007 с плагином GenAIEx v. 6.5.1 [12] и программного обеспечения Structure 2.3.4 [13].

Основные результаты и обсуждение

По всей исследуемой выборке северных оленей на основании анализа полиморфизм 9 микросателлитов, было детектировано 111 аллелей. При этом генотипирование животных по 16-ти микросателлитам выявило 106 аллелей на локус [14]. В нашем исследовании, размах вариабельности количества аллелей на локус составил от 9 аллелей в локусе NVHRT24 до 18 аллелей в локусе RT30. Анализ показателей в таблице 1 выявил, что наибольшим уровнем полиморфности характеризовался локус RT1, в котором были выявлены максимальные значения всех показателей, а также отрицательные значения коэффициента инбридинга, свидетельствуя об избытке гетерозиготных вариантов аллелей.

Таблица 1 - Характеристика микросателлитных локусов выявленных в популяциях северных оленей

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2025.153.100.1>

Локус	Показатель				
	N_A	N_E	H_O	H_E	F_{IS}
NVHRT76	6,375±0,596	3,383±0,421	0,583±0,097	0,661±0,052	0,126±0,147
RT9	8,000±0,463	4,923±0,492	0,610±0,053	0,779±0,027	0,196±0,102
NVHRT24	4,625±0,460	2,383±0,196	0,580±0,066	0,551±0,053	-0,063±0,085
RT30	9,000±1,018	4,510±0,718	0,718±0,047	0,734±0,042	0,024±0,022
RT1	9,125±1,008	5,528±0,782	0,770±0,087	0,752±0,077	-0,013±0,045
RT6	7,750±0,366	4,881±0,487	0,665±0,036	0,775±0,029	0,143±0,028
RT27	7,25±0,559	3,996±0,433	0,457±0,036	0,732±0,024	0,380±0,040
NV21	6,750±0,590	4,197±0,308	0,456±0,060	0,753±0,018	0,396±0,079
RT7	8,375±0,730	5,460±0,459	0,628±0,067	0,807±0,016	0,226±0,080

Примечание: N_A — среднее число аллелей на локус; N_E — число эффективных аллелей на локус; H_O — наблюдаемая гетерозиготность; H_E — ожидаемая гетерозиготность; F_{IS} — коэффициент инбридинга

Наибольшим уровнем полиморфности характеризовался локус RT1, в котором были выявлены максимальные значения всех показателей, а также отрицательные значения коэффициента инбридинга ($F_{IS}=0,013$), свидетельствуя об избытке гетерозиготных вариантов аллелей. Наименьшие значения показателей среднего и эффективного числа аллелей на локус, а также ожидаемой гетерозиготности были выявлены в локусе NVHRT24. В семи локусах было детектировано уменьшение наблюдаемой гетерозиготности по сравнению с ожидаемой, и как, следствие положительные значения коэффициента инбридинга.

Анализ показателей аллельного разнообразия и степени гетерозиготности (табл. 2), показал, что эвенкийская порода, разводимая на территории Якутии, превосходила все остальные группы по значениям среднего числа аллелей на локус: $N_A = 8,111$ и наблюдаемой гетерозиготности: $H_O=0,677±0,037$.

Таблица 2 - Анализ показателей аллельного разнообразия и степени гетерозиготности популяций эвенкийской породы северного оленя в сравнительном аспекте с породами домашних оленей и популяциями диких северных оленей

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2025.153.100.2>

Популяция	N_A	N_E	H_O	H_E	F_{IS}
CHU	6,000±0,527	2,929±0,434	0,481±0,091	0,593±0,062	0,146±0,150
EVN	7,222±0,795	4,231±0,549	0,660±0,058	0,735±0,029	0,111±0,052
EVK_YAK	8,111±0,633	4,079±0,352	0,677±0,037	0,741±0,021	0,084±0,046
EVK_KRA	6,222±0,596	4,450±0,482	0,563±0,093	0,743±0,039	0,259±0,122
NEN	8,000±0,645	4,564±0,556	0,628±0,041	0,749±0,041	0,161±0,038
WLD_T	8,222±0,619	5,062±0,505	0,631±0,063	0,780±0,029	0,196±0,069
WLD_Y	9,778±0,894	5,874±0,641	0,659±0,044	0,807±0,027	0,183±0,050
WLD_KRS	6,222±0,521	3,710±0,466	0,562±0,075	0,670±0,066	0,116±0,066

Примечание: N_A — среднее число аллелей на локус; N_E — число эффективных аллелей на локус; H_O — наблюдаемая гетерозиготность; H_E — ожидаемая гетерозиготность; F_{IS} — коэффициент инбридинга. Расшифровку аббревиатур для популяций северного оленя см. в методике

Животные этой породы Красноярского края характеризовались умеренным уровнем, как аллельного, так и генетического разнообразия. Однако, именно в этой группе коэффициент инбридинга имел максимальные положительные значения ($F_{IS}=0,259$), что указывает на преобладание гомозиготных аллелей.

Значения показателя числа эффективных аллелей на locus, вносящих основной вклад в результат расчета гомо- и гетерозиготности в эвенкинской породе распределились практически равномерно. При этом минимальные значения показателя отмечены в чукотской породе и дикой популяции Красноярского края: $N_E=2,929\pm 0,434$, $N_E=3,710\pm 0,466$ соответственно. Максимальные значения показателя выявлены в двух других популяциях дикого северного оленя: $WLD_T = 5,062\pm 0,505$ и $WLD_Y = 5,874\pm 0,641$. По ожидаемой степени гетерозиготности, исследуемые группы северного оленя имели практически схожие значения. Исключения составила выборка чукотской породы, в которой данный показатель был минимальным: $N_E=0,593\pm 0,062$. Коэффициент инбридинга (F_{IS}) во всех выборках, как домашних, так и диких северных оленей, имел положительные значения, отражая преобладание гомозиготных вариантов аллелей. При этом в группе эвенкийских оленей Якутии были выявлены минимальные положительные значения показателя близкие к нулю ($F_{IS}=0,084\pm 0,046$).

Результаты кластерного анализа представлены на рисунке 1.

Согласно алгоритму, основанному на значениях величины ΔK , было выявлено при $K=4$ ($\Delta K = 18,521$), значение при $K=6$ оказались значимыми и более детально отражали генетическую структуру популяций эвенкинской породы северного оленя.

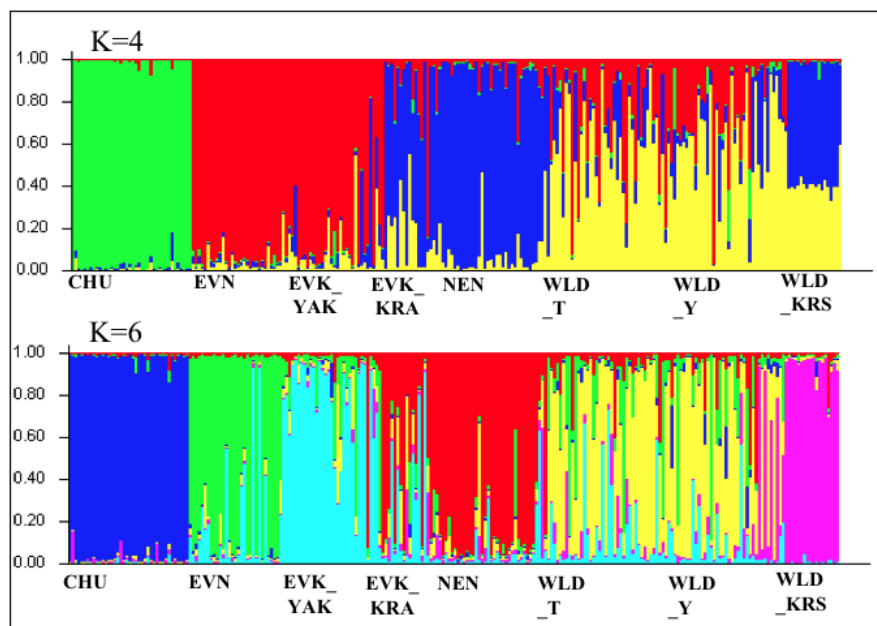


Рисунок 1 - Результаты кластерного анализа эвенкинской породы северного оленя в сравнительном аспекте с породами домашних оленей и популяциями диких северных оленей для числа кластеров $K = 4$ и $K = 6$

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2025.153.100.3>

Примечание: расшифровку аббревиатур для популяций северного оленя см. в методике

При $K=4$, эвенкийская популяция, разводимая на территории Якутии, вошла в кластер с эвенкой породой этого же региона. В то время как эвенкийская порода Красноярского края проявила генетическую структуру идентичной ненецкой породе. Однако при $K=6$, EVK_Y образовала свой генетический кластер. Интересно, что эвенкийская выборка северных оленей Красноярского края, так и не образовал самостоятельного кластера и, кроме того, продемонстрировала смешанное происхождение с той же породой, разводимой в соседних регионах: Якутии и Ненецкого автономного округа.

Заключение

Таким образом, в настоящем исследовании, на основании анализа полиморфизма микросателлитов, нами изучено состояние генетического разнообразия и генетической структуры двух популяций эвенкинской породы северного оленя, разводимой на территории двух регионов: Республики Саха (Якутия) и Красноярского края, в сравнительном аспекте с породами домашнего северного оленя, а также популяциями дикого северного оленя. Полученные результаты выявили, что эвенкийские олени Якутии характеризуются более высоким уровнем генетического разнообразия, а также значения коэффициента инбридинга указывали на недостоверные отклонения количества гетерозигот от теоретически ожидаемого. В то время как выборка северных оленей эвенкинской породы красноярской популяции проиллюстрировала средний уровень генетической изменчивости. Однако именно в этой группе были детектированы максимальные положительные значения коэффициента инбридинга, дальнейшее накопление которого, может оказать влияние на локальные адаптации и коадаптированные генные комплексы, что в конечном итоге,

повлияет на устойчивость популяции к неблагоприятным условиям среды. Кластерный анализ выявил интересные закономерности в генетической структуре данной породы. Якутская популяция породы характеризовалась наиболее генетически однородной структурой, в то время как красноярская популяция продемонстрировала отсутствие четкой генетической консолидированности и наличие в своем кластере генетических компонентов, как кластера эвенкийской породы Якутии, так и ненецкой породы. Наблюдаемая интеграция может быть вызвана появлением ненецких и эвенкийских северных оленей Якутии в Красноярском крае для обновления генофонда эвенкийской породы.

Финансирование

Работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации. При выполнении исследований использовали оборудование ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

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.

Funding

The work was supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation. The research was carried out using the equipment of the Center for Collective Use "Bioresources and Bioengineering of Agricultural Animals" of the L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry.

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. 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/agrobiology.2017.6.1083rus. — EDN YLSUZR.
2. Markert J.A. Population genetic diversity and fitness in multiple environments / J.A. Markert, D.M. Champlin, R. Gutjahr-Gobell [et al.] // BMC Evolutionary Biology. — 2010. — Vol. 10. — № 205. — DOI: 10.1186/1471-2148-10-205.
3. Hamrick J.L. Allozyme diversity in plant species / J.L. Hamrick, M.J.W. Godt; edited by A.H. Brown, M.T. Clegg, A.L. Kahler [et al.] // Plant population genetics, breeding, and genetic resources. — Sunderland, 1989.
4. Hohenlohe P.A. Population genomics for wildlife conservation and management / P.A. Hohenlohe, W.C. Funk, O.P. Rajora // Molecular Ecology. — 2021. — Vol. 30. — № 1. — P. 62–82. — DOI: 10.1111/mec.15720. — EDN XCMJMC.
5. Mosa K.A. The Promise of Molecular and Genomic Techniques for Biodiversity Research and DNA Barcoding of the Arabian Peninsula Flora / K.A. Mosa, S. Gairola, R. Jamdade [et al.] // Frontiers in Plant Science. — 2019. — Vol. 9. — 1929 p. — DOI: 10.3389/fpls.2018.01929.
6. Selkoe K.A. Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers / K.A. Selkoe, R.J. Toonen // Ecology Letters. — 2006. — Vol. 9. — № 5. — P. 615–629. — DOI: 10.1111/j.1461-0248.2006.00889.x.
7. Fischer M.C. Estimating genomic diversity and population differentiation – an empirical comparison of microsatellite and SNP variation in *Arabidopsis halleri* / M.C. Fischer, C. Rellstab, M. Leuzinger [et al.] // BMC Genomics. — 2017. — Vol. 18. — № 69. — DOI: 10.1186/s12864-016-3459-7. — EDN YWUCTH.
8. 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/agrobiology.2018.6.1152rus. — EDN YFQHR.
9. Харзинова В.Р. Изучение популяционной структуры и генетического разнообразия чукотской породы северного оленя на основе анализа микросателлитов / В.Р. Харзинова, А.В. Кудрявцев, М.Н. Семерикова [и др.] // Достижения науки и техники АПК. — 2023. — Т. 37. — № 9. — С. 87–92. — DOI: 10.53859/02352451_2023_37_9_87. — EDN VBESRE.
10. Филиппова Н.П. Изучение аллелофонда эвенкой породы северного оленя по локусам трансферрина и микросателлитов / Н.П. Филиппова, Л.П. Корякина, А.И. Павлова [и др.] // Генетика и разведение животных. — 2020. — № 1. — С. 44–49. — EDN FJVBWW.
11. Харзинова В.Р. Изучение аллелофонда и степени генетической интрогрессии домашней и дикой популяций северного оленя (*Rangifer Tarandus* L., 1758) с использованием микросателлитов / В.Р. Харзинова, А.В. Доцев, А.С. Крамаренко [и др.] // Сельскохозяйственная биология. — 2016. — Т. 51. — № 6. — С. 811–823. — DOI: 10.15389/agrobiology.2016.6.811rus. — EDN XGVQYT.
12. Peakall R. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research — an update / R. Peakall, P.E. Smouse // Bioinformatics. — 2012. — Vol. 28. — № 19. — P. 2537–2539. — DOI: 10.1093/bioinformatics/bts460.
13. Pritchard J.K. Inference of population structure using multilocus genotype data / J.K. Pritchard, M. Stephens, P. Donnelly // Genetics. — 2000. — Vol. 155. — P. 945–959. — DOI: 10.1093/genetics/155.2.945.
14. Earl D.A. Structure Harvester: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method / D.A. Earl, B.M. vonHoldt // Conservation Genet Resour. — 2012. — Vol. 4. — P. 359–361. — DOI: 10.1007/s12686-011-9548-7.

15. Evanno G. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study / G. Evanno, S. Regnaut, J. Goudet // *Molecular Ecology*. — 2005. — Vol. 14. — № 8. — P. 2611–2620. — DOI: 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x. — EDN MEKJRR.
16. 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. — EDN SLCABN.

Список литературы на английском языке / References in English

1. Kharzinova V.R. Evolyutsiya metodov otsenki bioraznobraziya severnogo olenya (*Rangifer tarandus*) (obzor) [Evolution of the methods for estimation biodiversity in reindeer (*Rangifer tarandus*) (review)] / V.R. Kharzinova, T.E. Deniskova, A.A. Sermyagin [et al.] // *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya* [Agricultural Biology]. — 2017. — Vol 52. — № 6. — P. 1083–1093. — DOI: 10.15389/agrobiology.2017.6.1083rus. — EDN YLSUZR. [in Russian]
2. Markert J.A. Population genetic diversity and fitness in multiple environments / J.A. Markert, D.M. Champlin, R. Gutjahr-Gobell [et al.] // *BMC Evolutionary Biology*. — 2010. — Vol. 10. — № 205. — DOI: 10.1186/1471-2148-10-205.
3. Hamrick J.L. Allozyme diversity in plant species / J.L. Hamrick, M.J.W. Godt; edited by A.H. Brown, M.T. Clegg, A.L. Kahler [et al.] // *Plant population genetics, breeding, and genetic resources*. — Sunderland, 1989.
4. Hohenlohe P.A. Population genomics for wildlife conservation and management / P.A. Hohenlohe, W.C. Funk, O.P. Rajora // *Molecular Ecology*. — 2021. — Vol. 30. — № 1. — P. 62–82. — DOI: 10.1111/mec.15720. — EDN XCMJMC.
5. Mosa K.A. The Promise of Molecular and Genomic Techniques for Biodiversity Research and DNA Barcoding of the Arabian Peninsula Flora / K.A. Mosa, S. Gairola, R. Jamdade [et al.] // *Frontiers in Plant Science*. — 2019. — Vol. 9. — 1929 p. — DOI: 10.3389/fpls.2018.01929.
6. Selkoe K.A. Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers / K.A. Selkoe, R.J. Toonen // *Ecology Letters*. — 2006. — Vol. 9. — № 5. — P. 615–629. — DOI: 10.1111/j.1461-0248.2006.00889.x.
7. Fischer M.C. Estimating genomic diversity and population differentiation – an empirical comparison of microsatellite and SNP variation in *Arabidopsis halleri* / M.C. Fischer, C. Rellstab, M. Leuzinger [et al.] // *BMC Genomics*. — 2017. — Vol. 18. — № 69. — DOI: 10.1186/s12864-016-3459-7. — EDN YWUCTH.
8. Deniskova T.E. Geneticheskaja harakteristika regional'nyh populacij neneckoj porody severnogo olenja (*Rangifer tarandus*) [Genetic characteristics of regional populations of Nenets reindeer breed (*Rangifer tarandus*)] / T.E. Deniskova, V.R. Kharzinova, A.V. Dotsev [et al.] // *Sel'skokhozyajstvennaja biologija* [Agricultural Biology]. — 2018. — Vol. 53. — № 6. — P. 1152–1161. — DOI: 10.15389/agrobiology.2018.6.1152rus. — EDN YFQHR. [in Russian]
9. Kharzinova V.R. Izuchenie populyatsionnoj struktury i geneticheskogo raznobraziya chukotskoy porody severnogo olenya na osnove analiza mikrosatelitov [Study of the population structure and genetic diversity of the Chukotka reindeer breed based on the microsatellites analysis] / V.R. Kharzinova, A.V. Kudryavtsev, M.N. Semerikova [et al.] // *Dostizheniya nauki i tekhniki APK* [Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex]. — 2023. — Vol. 37. — № 9. — P. 87–92. — DOI: 10.53859/02352451_2023_37_9_87. — EDN VBESRE. [in Russian]
10. Filippova N.P. Izuchenie allelofonda evenskoy porody severnogo olenya po lokusam transferrina i mikrosatelitov [Assessment of genetic structure of reindeer of the even breed] / N.P. Filippova, L.P. Koryakina, A.I. Pavlova [et al.] // *Genetika i razvedenie zhivotnyh* [Genetics and breeding of animals]. — 2020. — № 1. — P. 44–49. — EDN FJVBWW. [in Russian]
11. Kharzinova V.R. Izuchenie allelofonda i stepeni geneticheskoy introgressii domashney i dikoy populyatsiy severnogo olenya (*Rangifer Tarandus L., 1758*) s ispol'zovaniem mikrosatelitov [Study of the allele pool and the degree of genetic introgression of semi-domesticated and wild populations of reindeer (*Rangifer tarandus L., 1758*) using microsatellites] / V.R. Kharzinova, A.V. Dotsev, A.S. Kramarenko [et al.] // *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya* [Agricultural Biology]. — 2016. — Vol. 51. — № 6. — P. 811–823. — DOI: 10.15389/agrobiology.2016.6.811rus. — EDN XGVQYT. [in Russian]
12. Peakall R. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research — an update / R. Peakall, P.E. Smouse // *Bioinformatics*. — 2012. — Vol. 28. — № 19. — P. 2537–2539. — DOI: 10.1093/bioinformatics/bts460.
13. Pritchard J.K. Inference of population structure using multilocus genotype data / J.K. Pritchard, M. Stephens, P. Donnelly // *Genetics*. — 2000. — Vol. 155. — P. 945–959. — DOI: 10.1093/genetics/155.2.945.
14. Earl D.A. Structure Harvester: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method / D.A. Earl, B.M. vonHoldt // *Conservation Genet Resour*. — 2012. — Vol. 4. — P. 359–361. — DOI: 10.1007/s12686-011-9548-7.
15. Evanno G. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study / G. Evanno, S. Regnaut, J. Goudet // *Molecular Ecology*. — 2005. — Vol. 14. — № 8. — P. 2611–2620. — DOI: 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x. — EDN MEKJRR.
16. Tarakanets L.D. Geneticheskaya struktura populyatsii severnogo olenya (*rangifer tarandus*) Tyumenskoy oblasti [Genetic structure of the reindeer (*rangifer tarandus*) population in the Tyumen region] / L.D. Tarakanets, Ya.A. Kabitskaya, L.A. Glazunova [et al.] // *Vestnik Ryazanskogo gosudarstvennogo agrotekhnologicheskogo universiteta imeni P.A. Kostycheva* [Bulletin of the Ryazan State Agrotechnological University named after P.A. Kostychev]. — 2022. — Vol. 14. — № 2. — P. 97–108. — DOI: 10.36508/RSATU.2022.54.2.012. — EDN SLCABN. [in Russian]