

DOI: 10.12731/2658-6649-2025-17-5-1220

EDN: SFEDPC

УДК 636.977:599.591.4+575.2



Научная статья

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ И ФЕНОТИПИЧЕСКАЯ АДАПТАЦИЯ СЕВЕРНЫХ ОЛЕНЕЙ (*RANGIFER TARANDUS L.*) В ЭКОЛОГИЧЕСКИХ УСЛОВИЯХ МАЛОЗЕМЕЛЬСКОЙ ТУНДРЫ И СЕВЕРНОГО ТИМАНА

Т.М. Романенко

Аннотация

Обоснование. Северный олень (*R. tarandus*) – адаптированный вид животных, разведением которого широко занимаются в северных регионах Российской Федерации. Территориально организованный выпас стадного содержания животных в ландшафтно-экологических условиях с регламентируемыми режимами природопользования отличающиеся большим разнообразием на территории Ненецкого автономного округа, создает определённые ограничения, на которые организмы реагируют по-разному в зависимости от их силы. В северном оленеводстве популяция (олeneводческое хозяйство) представлена в основном несколькими стадами (субпопуляциями), за каждым из которых закреплён земельный участок и определён маршрут выпаса по сезонам года. Субпопуляция рассматривается как самостоятельная генетическая система, которая несёт в себе историю формирования структуры. Отсутствие знаний о генетическом и морфологическом разнообразии северных оленей на уровне отдельных стад производящие выпас в разных экологических условиях создаёт угрозу сохранения биологического разнообразия.

Цель. Оценка генетической дифференциации и фенотипической изменчивости субпопуляций северных оленей Малоземельской и Тиманской тундр.

Материалы и методы. Для генетической характеристики 6 субпопуляций провели анализ по 9 микросателлитным локусам. Для анализа использовали кусочки тканей, отобранные во время очистки рогов животных и убойной компании. Для контроля изменчивости признаков использовали анализ РСА по

семи наиболее информативным экстерьерным показателям самок и самцов, определили параметры распределения показателя глубины груди как одного из основных селекционных признаков.

Результаты. Анализ полученных данных дает представление о аллельном и генетическом разнообразии 6 субпопуляций. Установлены причинно-следственные связи, определяющие характер миграции и интенсивности потока генов. По результатам сравнительного анализа экстерьерных показателей на территории выявлены морфологически различающиеся группы животных.

Заключение. Полученные результаты о генетическом и морфологическом разнообразии северных оленей имеют большое значение для селекционно-племенной работы и могут быть использованы для освежения крови племенных и пользовательных стад.

Ключевые слова: *Rangifer tarandus* L.; субпопуляция; генетическое разнообразие; фенотипическая изменчивость; племенная работа, микросателлитные локусы

Для цитирования. Романенко, Т. М. (2025). Генетическая дифференциация и фенотипическая адаптация северных оленей (*Rangifer tarandus* L.) в экологических условиях Малоземельской тундры и Северного Тимана. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 17(5), 255-277. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2025-17-5-1220>

Original article

GENETIC DIFFERENTIATION AND PHENOTYPIC ADAPTATION OF REINDEER (*RANGIFER TARANDUS* L.) IN THE ECOLOGICAL CONDITIONS OF THE MALOZEMELSKAYA TUNDRA AND NORTHERN TIMAN

T.M. Romanenko

Abstract

Background. The reindeer (*R. tarandus*) is an adapted animal species, which is widely bred in the northern regions of the Russian Federation. Territorially organised grazing of herd animals in landscape-ecological conditions with regulated regimes of nature use, which are very diverse on the territory of the Nenets Autonomous district, creates certain restrictions to which organisms react differently de-

pending on their strength. In reindeer husbandry, the population (reindeer farm) is mainly represented by several herds (subpopulations), each of which has a land plot assigned and a grazing route determined by the seasons. The subpopulation is considered as an independent genetic system, which carries the history of the formation of the structure. The lack of knowledge about the genetic and morphological diversity of reindeer at the level of individual herds grazing in different environmental conditions poses a threat to the conservation of biological diversity.

Purpose. Assessment of genetic differentiation and phenotypic variability of reindeer subpopulations in the Malozemelskaya and Timanskaya tundras.

Materials and methods. For the genetic characteristics of 6 subpopulations, an analysis was performed on 9 microsatellite loci. For the analysis, pieces of tissue were used, selected during the cleaning of the horns of animals and the slaughter company. To control the variability of traits, PCA analysis was used for seven of the most informative exterior indicators of females and males, and the parameters of the distribution of the breast depth index as one of the main breeding characteristics were determined.

Results. The analysis of the obtained data gives an idea of allelic and genetic diversity of 6 subpopulations. The cause-and-effect relationships determining the nature of migration and intensity of gene flow have been established. Based on the results of comparative analysis of exterior parameters, morphologically distinct groups of animals were identified.

Conclusions. The results obtained on the genetic and morphological diversity of reindeer are of great importance for selection and breeding work and can be used to freshen the blood of breeding and commercial herds.

Keywords: *Rangifer tarandus* L.; subpopulation; genetic diversity; phenotypic variability; breeding, microsatellite loci

For citation. Romanenko, T. M. (2025). Genetic differentiation and phenotypic adaptation of reindeer (*Rangifer tarandus* L.) in the ecological conditions of the Malozemelskaya tundra and Northern Timan. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 17(5), 255-277. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2025-17-5-1220>

Введение

Северный олень (*R. tarandus*) адаптированный вид животных, разведением которого широко занимаются в северных регионах Российской Федерации [1, с. 3-5; 2]. Происходящие процессы изменения климата, наряду с распространением болезней, не имеющих защиты, интенсификацией промышленного освоения арктических территорий ставит задачу в части сохранения биологического разнообразия северных оленей [3, с. 28-37; 4,

с. 163-168; 5, с. 54-60]. Территория Ненецкого автономного округа вытянута почти на тысячу километров полосой вдоль морей Северного Ледовитого океана, которая представлена крупными геоморфологическими районами: Канино-Тиманская тундра, Малоземельская тундра, Большеземельская тундра и острова Баренцева моря – Колгуев и Вайгач, агроклиматическими районами: субарктический, полярный и подзонами растительности: типичная тундра, южно-кустарничковая тундра, лесотундра [6, с. 7-27].

Территориально организованный выпас стадного содержания животных в ландшафтно-экологических условиях с регламентируемыми режимами природопользования отличающиеся большим разнообразием на территории округа, создает определённые ограничения, на которые организмы реагируют по-разному в зависимости от их силы [7, с. 74-92; 8 с. 1177-1187].

Популяция (оленоводческое хозяйство) в северном оленеводстве представлена в основном несколькими стадами (субпопуляциями), за каждым из которых закреплён земельный участок и определён маршрут выпаса по сезонам года. На процесс формирования пороодообразующих факторов северных оленей оказывают влияние не только природно-климатические условия и кормовая база, но и искусственный отбор для сохранения и размножения особей с желаемой комбинацией признаков [9, с. 10; с. 51-61; 11, с. 80-104]. Субпопуляция (стадо) рассматривается как самостоятельная генетическая система, которая несёт в себе историю формирования структуры [12, с. 80-84; 13, с. 1175-1183].

В настоящее время одной из проблем является отсутствие знаний о генетическом и морфологическом разнообразии северных оленей на уровне отдельных стад (субпопуляций) оленеводческих хозяйств производящие выпас в разных экологических условиях. Изучение миграции и интенсивности потока генов между ними требует выяснения характера их перемещения.

Цель исследований

Дать оценку генетической дифференциации и фенотипической изменчивости субпопуляций северных оленей, пространственно размещённых на территории Малоземельской тундры и Северного Тимана.

Материалы и методы

В работе использовали пробы тканей (мышц, кожи) и промеры домашних северных оленей ненецкой породы субпопуляций, расположенных на

территории двух геоморфологических районов Малоземельской тундры и восточной части Северного Тимана Ненецкого автономного округа.

Для сравнительного анализа послужили шесть пространственно разобщенных субпопуляций СРО «Табседа» (TABS), СРО «Илебц» (ILB), СРО «Опседа» (OPS), СПК «Индига», бригада № 1 (IND1), бригада № 8 (IND8), бригада № 1 АО НАК (NAC1), Экологическая характеристика биотопов субпопуляций представлена описанием условий обитания (геоморфологический и агроклиматический район, подзоны растительности, среднегодовая относительная влажность воздуха, %) и их местоположением [14, с. 21-29] (табл. 1., рис. 1).

Сравнительный анализ аллелофонда и генетического разнообразия внутривидовой изменчивости проводили с использованием ДНК-профилей 9 STR-маркеров шести субпопуляций IND8 – 64 гол., IND1 – 32 гол., TABS – 94 гол., OPS – 48 гол., VTU– 33 гол., NAC1– 58 гол.

Таблица 1.

Экологическая характеристика биотопов

№ п/п	Субпопуляция	Код выборки	Описание биотопа (геоморфологический и агроклиматический район, подзоны растительности, среднегодовая относительная влажность воздуха, %)
1	СРО «Табседа»	TABS	Малоземельская тундра, субарктический западный район, типичная и южная тундра, 88 %
2	СРО «Вы Ту»	VTU	Малоземельская тундра, субарктический западный район типичная тундра, 88 %
3	СРО «Опседа»	OPS	Малоземельская тундра, субарктический западный район, южная тундра, 85 %
4	СРО «Илебц»	ILB	Малоземельская тундра, субарктический район западный, типичная и южная тундра, 88 %
5	СПК «Индига», бригада № 1	IND1	Тиманская тундра (Северный Тиман), субарктический западный и полярный район, южная тундра и лесотундра, 82 %
6	СПК «Индига», бригада № 8	IND8	Малоземельская тундра, субарктический район, южная тундра и лесотундра, 82-83,5 %
7	АО НАК, бригада № 1	NAC1	Малоземельская тундра, субарктический западный и полярный район, южная тундра и лесотундра, 82 %.

Примечание: СПК – сельскохозяйственный производственный кооператив, СРО – семейно-родовая община.

ДНК-тестирование проводили в лаборатории функциональной и эволюционной геномики животных ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста методом анализа полиморфизма микросателлитной ДНК. Выделение ДНК осуществлялось с использованием колонок фирмы Nexttec («Nexttec Biotechnologie GmbH», Германия) и с 2022 года наборов ДНК-Экстан-2 (ЗАО «Синтол», Россия) согласно рекомендациям фирм-изготовителей. ПЦР-анализ проведен по 9 микросателлитным локусам (NVHRT 21, NVHRT 24, NVHRT 76, RT1, RT6, RT7, RT9, RT27 и RT30) [15, с. 756-765]. Полученные фрагменты ДНК визуализировали посредством фрагментного анализа с помощью программного обеспечения Gene Mapper v. 4 на генетическом анализаторе ABI3130xl («Applied Biosystems», США).



Рис. 1. Местоположение субпопуляций домашнего северного оленя в границах Малоземельской тундры и Северного Тимана Ненецкого автономного округа
Коды выборок: TABS – СПО «Табседа», VTU – СПО «Вы Ту», OPS – СПО «Опседа», IND8 – бригада № 8 СПК «Индига», IND1 – бригада № 1 СПК «Индига», NAC1 – бригада № 1 АО НАК.

В программе GenAEx 6.5 рассчитывали показатели аллельного разнообразия, включая эффективное число аллелей (N_e), число приватных аллелей (Pr), процент общих аллелей, ожидаемую (H_o) и наблюдаемую (H_o) гетерозиготность, индекс разнообразия Шеннона (I), коэффициент

инбридинга особи относительно субпопуляции (F_{is}) с доверительным интервалом (CI) 95 % и генетические дистанции по М. Nei. Аллельное разнообразие (Ar) вычисляли с использованием алгоритма «разрежения» [16, с. 2537-2539; 17, с. 539-543].

Дендрограмма генетической изменчивости между субпопуляциями была построена на основе генетических расстояний по М. Nei методом невзвешенной попарно-групповой кластеризации (UPGMA) с использованием бутстрэп-анализа для 100 реплик [18, с. 337-354; 19, с. 1125-1134].

Модель возможных миграций между субпопуляциями на основе числа мигрантов на поколение (Nm) реализовывали в R-пакете divMigrant [20, с. 3467-3475].

Для вычисления коэффициента корреляции между генетическими и географическими дистанциями субпопуляций использовали тест Мантела (999 permutations) [21, с. 209-220].

Для сравнения применили полученные данные генетического разнообразия субпопуляции ILB (СПО Илебц) авторов Доцев А.В. и др. [13, с.1175-1183] и Денискова Т.Е. и др. [22, с. 1152-1161].

Для определения нормальности распределения показателя глубины груди самок и самцов старше 5,5 лет четырех субпопуляций, как одного из основных селекционных признаков проводили вычисления асимметрии (A_s) и эксцесса (E_x). Глубину груди животных определяли с помощью мерной палки Лидтена осенью в период их наивысшей продуктивности.

Анализ главных компонент (Principal Components Analysis, PCA) по наиболее информативным экстерьерным признакам (высота в холке, глубина груди, ширина груди, обхват груди за лопатками, косая длина туловища, длина головы, обхват пясти) самок и самцов 4 субпопуляций проводили с помощью программы Statistica for Windows, v. 8.0 (StatSoft Inc., США).

Результаты исследований

Генотипическая характеристика субпопуляций

Число исследованных аллелей в микросателлитных локусах варьировало в зависимости от маркера и составляло 4 – 11 (OPS), 5 – 11 (TABS, IND9), 6 – 11 (VTU), 5 – 10 (IND1), 6 – 14 (NAC1). Равные числа аллелей в таких маркерах, как NVHRT24, RT7 и RT30 наблюдали в трех субпопуляциях (TABS, IND8 и IND1).

Показатели аллельного богатства (Ar) варьировали от 4,07 (IND8) до 5,12 (NAC1).

Таблица 2.

Аллельное и генетическое разнообразие субпопуляций северных оленей

Субпопуляция	<i>n</i>	<i>Ar</i>	%	N_e	H_o	H_e	<i>I</i>	F_{is}
TABS	94	4.49	77.7	4.46	0.662	0.749	1.665	0.116[-0.103; 0.607]
VTU	33	4.64	69.7	4.58	0.623	0.762	1.737	0.179[-0.114; 0.425]
OPS	48	4.42	50	4.44	0.657	0.755	1.672	0.127[-0.027; 0.327]
IND8	60	4.07	79.7	3.97	0.602	0.723	1.527	0.162[-0.083; 0.425]
IND1	32	4.65	53.1	4.84	0.691	0.768	1.718	0.100[-0.080; 0.425]
NAC1	58	5.12	76	5.96	0.588	0.809	1.944	0.263[-0.071; 0.460]

Примечание: *n* – число животных, *Ar* – аллельное обогащение после разрежения, % – процент общих аллелей, N_e – число эффективных аллелей, H_o и H_e – наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность, *I* – индекс разнообразия Шеннона, F_{is} – коэффициент инбридинга особи относительно субпопуляции.

Значения индекса Шеннона (*I*) варьировали от 1,527 (IND8) до 1,944 (NAC1) и свидетельствовали о высоком аллельном разнообразии (табл.2). Процент общих аллелей находился на уровне от 50 % (OPS) до 79,7 % (IND8). Полученные частоты генотипов по 9 STR-маркерам, выявили положительные значения F_{is} , что показывало на смещение генетического равновесия в сторону дефицита гетерозигот от 0,100 (IND1) до 0,263 (NAC1). При этом наибольший коэффициент инбридинга наблюдался в трех субпопуляциях IND8 (0,162), VTU (0,179), NAC1 (0,263) и ILB (0,257). Наиболее низкими показателями характеризовались IND1(0,100) и TABS (0,116).

Высокая частота ожидаемой гетерозиготности (H_e) была выявлена во всех выборках в пределах 0,723 (IND8) – 0,809 (NAC1), что свидетельствовало о большей открытости изучаемых субпопуляций и высоком уровне полиморфизма.

Наибольшим аллельным и генетическим разнообразием среди субпопуляций выделялась NAC1 (*Ar* = 5,12) как по числу эффективных аллелей (N_e) 5,96, так и показателями ожидаемой гетерозиготности (H_e) 0,809 и индекса Шеннона (*I*) 1,944.

Приватные аллели идентифицированы во всех субпопуляциях, кроме IND1, принадлежащие 7 STR-маркерам из 9, которые можно рассматривать в качестве популяционно-специфических (табл. 3). Наибольшим числом приватных аллелей характеризовались NAC1 и VTU (35,3 % и 29 % соответственно), у которых было обнаружено большее число аллелей для локуса RT30.

Парные значения *Fst*, рассчитанные по 9 STR-маркерам характеризуют степень дифференциации между изучаемыми субпопуляциями. По клас-

сификации Hartl et al. (1997) большая часть значений индекса фиксации имела незначительную дифференциацию (0.017 – 0.049), умеренная обнаружена между NAC1– IND8 (0,060) и NAC1– TABS (0,051) (табл. 4).

Таблица 3.

Приватные аллели

Субпопуляция	STR- маркер	Аллель	Частота аллеля
IND8	RT27	109	0.008
IND8	RT27	115	0.008
VTU	NVHRT 24	147	0.045
VTU	RT30	180	0.030
VTU	RT30	222	0.030
VTU	RT1	139	0.015
VTU	RT7	236	0.015
OPS	RT1	247	0.011
OPS	RT7	234	0,011
TABS	RT1	217	0.016
TABS	RT7	233	0.005
NAC1	RT9	114	0.017
NAC1	RT30	182	0.009
NAC1	RT30	212	0.009
NAC1	RT30	214	0.017
NAC1	RT30	218	0.017
NAC1	NVHRT21	176	0.069

Таблица 4.

Генетические дистанции между субпопуляциями северных оленей

Субпопуляция	IND8	VTU	IND1	OPS	TABS	NAC1
IND8	0.000	0.155	0.112	0.128	0.182	0.477
VTU	0.030	0.000	0.274	0.200	0.246	0.410
IND1	0.023	0.042	0.000	0.071	0.130	0.394
OPS	0.024	0.034	0.017	0.000	0.094	0.279
TABS	0.030	0.039	0.022	0.017	0.000	0.423
NAC1	0.060	0.049	0.047	0.038	0.051	0.000

Примечание: над диагональю – несмещенные дистанции по M.Nei, под диагональю – попарные значения F_{st}

Географически удаленные субпопуляции характеризовались разными дистанциями TABS – IND8 (0,030) и VTU – IND8 (0,030), TABS – OPS

(0,017) и TABS – NAC1 (0,051), ILB – IND8 (0,018). В то время тесно граничащие между собой TABS – VTU (0,039), TABS – ILB были наиболее дифференцированы.

На дендрограмме субпопуляционных взаимоотношений, построенной методом UPGMA на основе генетических расстояний M.Nei субпопуляции NAC1 и VTU формировали отдельные ветви с высоким уровнем надежности, остальные были представлены единым кластером.

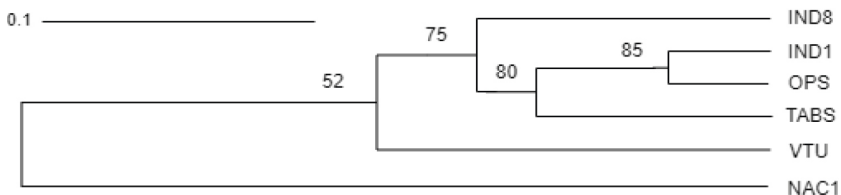


Рис. 2. Дендрограмма субпопуляционных взаимоотношений, построенная методом невзвешенной попарно-групповой кластеризации (UPGMA) на основе генетических расстояний M.Nei

При F_{st} равном 0,058, отражающим степень подразделенности субпопуляций, 94,2 % приходилось на генетическую изменчивость внутри субпопуляций и лишь 5,8 % на изменчивость между стадами, что указывает на их генетическую однородность. Поток генов между стадами (N_m) был на уровне 5,33. Интенсивность обмена генами в шести субпопуляциях составляла в среднем 5 мигрантов на поколение. Наибольший вклад в генетическую дифференциацию субпопуляций из 9 микросателлитов вносят три локуса RT30 (10,7 %), RT7 (9,1%) и NVHRT24 (8,9 %).

Модель направленных миграционных потоков с помощью критерия (Nm) отражает характер миграции и потока генов между 6 субпопуляциями и вероятность того, что эти события произошли (P_m). При этом между географически удаленными субпопуляциями OPS – TABS, OPS – IND1 и TABS – IND1, была выявлена максимальная степень миграции ($P_m \geq 0.95$), где OPS выступает в качестве донора потока генов. Напротив, субпопуляция NAC1, характеризующаяся высоким генетическим разнообразием представлена реципиентом ($P_m \geq 0.45$) (рис.3).

Фенотипическая изменчивость признаков

Для контроля изменчивости признаков северных оленей в изучаемых субпопуляциях, сформировавшиеся на разных природных биотопах, важным является определение параметров распределения экстерьерных показателей, которые разработали на примере показателя глубины груди как одного из ос-

новых селекционных признаков, по которому судят о крепости животных, их выносливости и приспособленности к условиям среды обитания [24, с. 37-40].

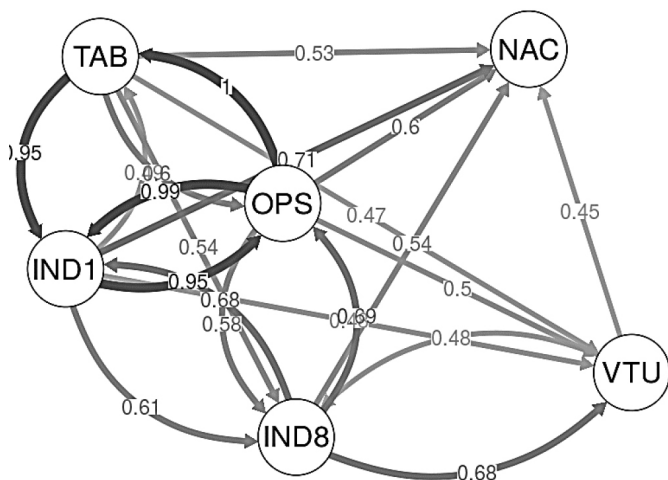


Рис. 3. Модель миграционных потоков между 6 субпопуляциями северных оленей

Более глубокой грудью отличались самки и самцы IND1(42,5; 47,8), IND8 (43,2; 47,5) и NAK1 (42,8; 47,3) от TABS (41,3; 44,7) с достоверной разницей у самок при $p < 0,05$, $p < 0,01$, $p < 0,001$, у самцов ($p < 0,01$) соответственно.

Показатели глубины груди имели различие по полу. Самки отличались наибольшей изменчивостью по этому признаку 3,9 – 5,2 % в сравнении с самцами 2,9 – 4,7 %. Степень варьирования признака характеризовалась слабой изменчивостью и не превышала 10 %.

Показатели, характеризующие симметричность распределения (асимметрии, A_s) и особенность распределения вариант выборки около центра (эксцесса, E_x) глубины груди имели различия в пределах пола, как внутри субпопуляций, так и между ними (табл. 5). Так, у самцов показатели асимметрии и эксцесса принимали отрицательный характер и находились в пределах от -0,502 до -0,111 и от -1,77 до -0,89 соответственно. У самок показатели асимметрии и эксцесса были значительно ниже от 0,167 до -0,053 и от 0,2 до -0,089 соответственно и принимали как отрицательный, так и положительный характер. Положительная асимметрия и эксцесс наблюдались у самок IND8 (0,167 и 0,089), характеризующий признак наиболее однородным со

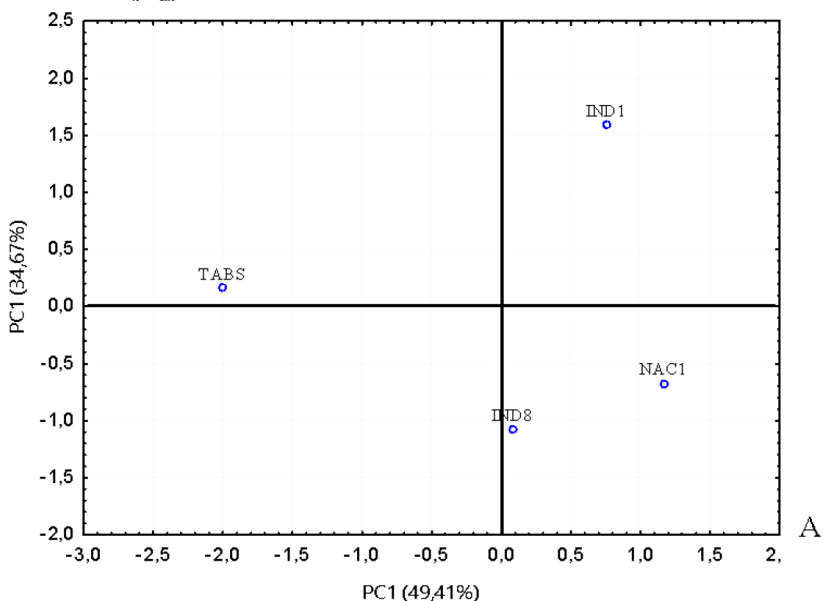
сдвигом вправо. Самки TABS по глубине груди имели отрицательную асимметрию (-0,188) и положительный эксцесс (0,2), однородность признака со сдвигом влево. Значимые отклонения асимметрии и эксцесса не выявлены.

Таблица 5.

Параметры распределения показателя глубины груди северных оленей

Субпопуляция	Пол	\bar{X}	SEM	C_v %	A_s	tA_s	A_{sp}	E_x	tE_x
TABS	самки	41.3	2.129	5.2	-0.188	0.32	0.31	0.2	0.265
	самцы	44.7	1.855	4.14	-0.111	0.18	-0.75	-0.89	1.262
IND8	самки	43.2	1.874	4.33	0.167	0.29	0.44	0.089	0.118
	самцы	47.5	1.355	2.49	-0.502	0.82	-0.54	-0.98	1.960
IND1	самки	42.5	1.662	3.91	-0.240	0.39	0.71	-0.75	1.134
	самцы	47.8	2.154	4.7	-0.317	0.51	1.21	-1.77	2.966
NAC1	самки	42.8	2.377	5.07	-0.053	0.09	0.24	-0.76	1.007
	самцы	47.3	1.333	2.91	-0.281	0.46	-0.69	-1.17	2.340

Примечание: \bar{X} – среднее значение, SEM – стандартная ошибка, C_v – коэффициент вариации, %, A_s – коэффициент асимметрии Пирсона, tA_s – соотношение A_s/S_{A_s} , A_{sp} – структурный коэффициент асимметрии Пирсона; E_x – эксцесс, tE_x – соотношение E_x/S_{E_x} .



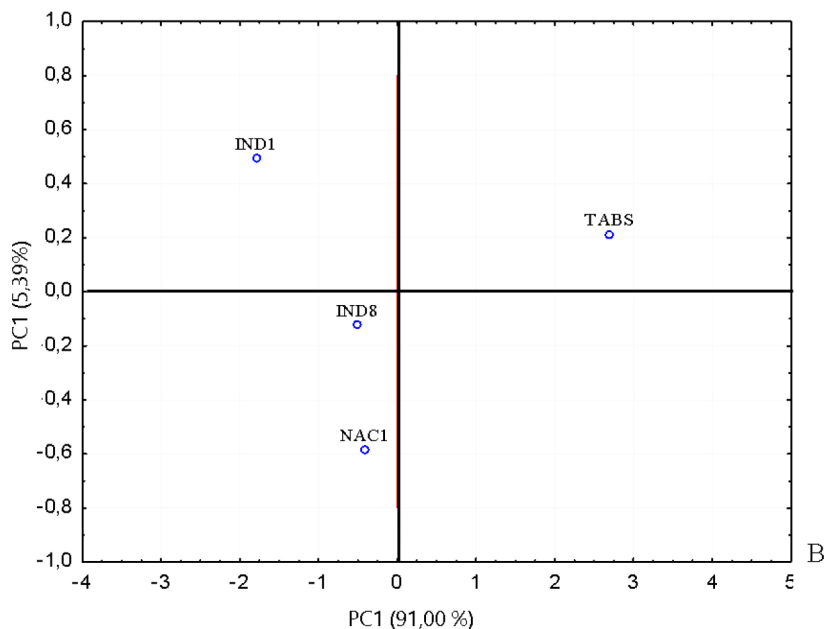


Рис. 4. Пространство главных координат (PCA) с отображением положения выборок самок и самцов старше 5,5 лет: А – Самки, В - Самцы

Наибольшая степень скошенности (tEx) показателя глубины груди наблюдалась у самцов IND1 (2,966), который не превышал показатель для нормального распределения ($2,966 < 3$), но был близок к существенному и указывал на направленный отбор животных по этому признаку [25, с. 7-23].

Проекция самок и самцов четырех субпопуляций (TABS, IND8, IND1, NAC1) в пространстве двух координат (PCA) по наиболее тесно связанному с главной компонентой признаков (высота в холке, глубина груди, ширина груди и обхват пясти), выделила кластер с наиболее близкими по показателям NAC1 и IND8 и две отдельные независимые ветви (TABS и IND1). Соответствие морфологических различий по этим признакам для самок и самцов составило 96,39 % и 84,08 %.

Обсуждение

Получив информацию о миграционных потоках между 6 субпопуляциями (рис. 3), длительное время совместно населяющих это пространство с помощью источников, удалось выяснить какими факторами были вызва-

ны перемещения животных, чтобы понять характер и степень миграции, лежащий в основе интенсивного потока генов. Это позволило дать ответ к пониманию происходящих эволюционных процессов в период становления и развития северного оленеводства на Крайнем Севере.

Установленное исследованиями высокое генетическое разнообразие в NAC1 подтверждается достоверными различиями со всеми субпопуляциями при $p < 0,001$ (IND8), $p < 0,01$ (OPS и TABS), $p < 0,05$ (VTU и IND1). Генетические предпосылки для эволюционного процесса NAC1 были созданы при формировании опытного стада в 1931 году изначально на базе Ненецкого оленсовхоза и в 1934 году переданного Нарьян-Марской сельхозстанции (ныне АО НАК) [25, с. 7-23; 26, с. 45-49; 27, с. 55-56]. Источником мигрантов служили отдельные стада разных хозяйств, из числа личного поголовья оленеводов [27, с. 55]. Этим объясняется значительный поток генов ($0,45 \leq Pm \leq 0,71$) от всех исследуемых субпопуляций, где NAC1 в модели миграционных потоков выступает реципиентом. При этом следует отметить, что животные характеризовались наибольшим дефицитом гетерозигот ($F_{is} = 0,263$), возможно, как результат влияния направленного отбора, одного из элементов племенной работы, который мог привести к повышению гомозиготности, превращения ряда полиморфных признаков в мономорфные [29, с. 58-61; 30, с. 45-49; 31, с. 2-32].

В предложенной модели часть субпопуляций (стад) OPS, TABS, VTU и ILB до 2010 года принадлежали СПК им. И.П. Выучейского, в котором OPS с 1953 года выполняла функции племенного. Состав стада, которой был улучшен за счет обмена менее продуктивных животных на более лучших по развитию с другими стадами от 100 гол. и более, проводившегося на внутри хозяйственном уровне [32, с. 3-45; 33, с. 22-24].

В отдельные годы в связи с метеорологическими явлениями (1952, 1958, 1971–1972, 1973–1974 и др.) стихийные бедствия (гололед, ледяная корка, высокий уровень снежного покрова и др.) в оленеводстве приводили к массовым падежам животных до 40 тыс. голов [6, 14, с. 57-63; 33, с. 27-28]. Полученные данные ранних исследований объясняют минимальные генетические дистанции (0,018) географически удаленных IND и ILB, которые связаны с передачей части поголовья оленей (более 500 гол.) и вероятность того, что эти события произошли и между OPS и IND1 (0,017; $Pm \leq 0,99$).

Значительный поток генов ($Pm \leq 1,0$) от OPS к TABS географически удаленных друг от друга обусловлен переводом личных оленей (более 400 гол.) при выходе части оленеводов из бригады после ликвидации хозяйства привело к сокращению генетических дистанций (0,017).

Большие потоки генов направленные от OPS ($0,5 \leq Pm \leq 1,0$), а также от TABS ($0,5 \leq Pm \leq 0,95$) во все изучаемые субпопуляции способствовали сокращению различий между ними.

Наиболее высокие коэффициенты инбридинга, обусловленные увеличением доли гомозиготных особей в субпопуляциях IND8 (0,162), VTU (0,179) и ILB (0,257) отражают результат резкого снижения численности поголовья в два раза и более. При этом СРО «Вы Ту» (VTU) и СРО «Илебц» (ILB) были образованы путем разделения стада после ликвидации хозяйства в целях сохранения традиционной культуры и образа жизни.

Компактность размещения стад изучаемой территории в системе коротких маршрутов создает высокий риск для миграционных потоков, особенно, в местах граничащих территорий выпаса. Оценка корреляций между матрицами генетических расстояний по M.Nei и географическими расстояниями (GGD) с использованием теста N.Mantel (99 permutations) выявила среднюю связь и положительные значения ($r = 0,6735$, $y = 9,9054x - 0,1245$), что предполагает имеющиеся изоляции расстоянием среди них.

Проведенные исследования раскрывают характер миграций между субпопуляциями, который обусловлен восполнением численности поголовья стад в связи с утратой оленей в годы (1950 – 1980-е) с аномальными метеорологическими явлениями, формированием племенных стад (1934–1950-е гг.), активным обменом производителями на внутри и межпопуляционном уровнях (1930 – 1970 -е гг.) послужило интенсивному потоку генов [34, с. 11-20].

В условиях промышленного производства мяса в северном оленеводстве при оценке субпопуляций необходимо использовать не только генетические различия, но и фенотипические, также условия содержания животных в целях ускорения процесса приспособления, учитывая, что направление действия отбора определяется условиями внешней среды, в котором осуществляется онтогенез [35, с. 3-11].

Согласно анализу PCA в 4 пространственно разобщенных субпопуляциях выявлено три морфологически отличающиеся группы. К одной были отнесены животные TABS ($p < 0,05$), отличающиеся меньшей глубиной грудности за счет развития в ширину, придающие грудной клетке более цилиндрическую форму. Приспособительные реакции к условиям круглогодичного использования пастбищ со среднегодовой относительной влажностью воздуха 88 % в процессе эволюции способствовали перестройки фенотипа, позволяющие вернуть энергетический обмен и остальные функ-

ции на исходный или близкий к исходному уровню, отнести их к адаптивному типу как нормы реакции к системообразующему фактору среды [36, с. 3-16; 37, с. 58-70].

Такая работа по изучению генетической и фенотипической изменчивости животных на уровне отдельных стад (субпопуляций) оленеводческих хозяйств (популяций) с использованием агроклиматических параметров и исторического подхода к раскрытию характера миграционных потоков генов в рамках одной территории проводится впервые.

Заключение

Проведенный анализ полиморфизма по 9 микросателлитным локусам показал высокое генетическое разнообразие в 6 пространственно размещенных субпопуляциях, которые характеризовались достаточно высокой генетической однородностью и морфологическим разнообразием.

Полученные данные генетической и фенотипической изменчивости животных на уровне отдельных стад (субпопуляций) оленеводческих хозяйств (популяций) с использованием агроклиматических параметров и исторического подхода к раскрытию характера миграционных потоков генов в рамках одной территории являются первым шагом для практического использования в селекционно-племенных программах.

Информация о спонсорстве. Исследования выполнены в соответствии с темой № FUUW-2022-0055 Государственного задания (рег. № 122011400382-8).

Благодарности. Автор выражает благодарность за помощь в организации исследования руководителям оленеводческих хозяйств и оленеводам за помощь в отборе экспериментального материала.

Список литературы

1. Баскин, Л. М. (1970). *Северный олень. Экология и поведение*. Москва: Издательство «Наука». С. 3–5.
2. Mathiesen, S. D., Eira, I. M. G., Turi, E. I., Oskal, A., Pogodaev, M., & Tonkoyeva, M. (Eds.). (2022). *Reindeer husbandry adaptation to the changing Arctic. Volume 1*. Springer Polar Sciences. Cham: Springer. 277 p. <https://doi.org/10.1007/978-3-031-17625-8>. ISBN: 978-3-031-17625-8. EDN: <https://elibrary.ru/GKLUWM>
3. Тишков, А. А., & Кренке-мл., А. Н. (2015). «Позеленение» Арктики в XXI в. как эффект синергизма действия глобального потепления и хозяй-

- ственного освоения. *Арктика: экология и экономика*, (4(20)), 28–37. <http://arctica-ac.ru/article/184>. EDN: <https://elibrary.ru/VBHPNR>
4. Курбаков, К. А., Коноров, Е. А., Семина, М. Т., и др. (2022). Распространение ассоциированных с болезнью хронического изнурения аллелей гена PRNP у диких и домашних северных оленей *Rangifer tarandus* на территории России. *Генетика*, 58(2), 163–168. <https://doi.org/10.31857/S0016675822020102>. EDN: <https://elibrary.ru/GWUUZS>
 5. Пагова, Е. Н., Кулюгина, Е. Е., & Стенина, А. С. (2016). Изменение природных комплексов Большеземельской тундры и Полярного Урала в результате воздействия линейных сооружений газопровода «Бованенково-Ухта». *Известия Коми научного центра УрО РАН*, (3(27)), 54–60. EDN: <https://elibrary.ru/WYMXNP>
 6. Рочев, П. А. (Ред.). (1975). *Система ведения сельского и промыслового хозяйства в Ненецком национальном округе: Методические рекомендации*. Нарьян-Мар: Нарьян-Марская сельскохозяйственная опытная станция. РТП. Тип. ВИР. С. 7–27.
 7. Лавриненко, И. А. (2013). Геоботаническое районирование Большеземельской тундры и прилегающих территорий. *Геоботаническое картографирование*, 74–92. <https://doi.org/10.31111/geobotmap/2013.74>. EDN: <https://elibrary.ru/RWMCHJ>
 8. Ильина, Л. А., Лайшев, К. А., Ёылдырым, Е. А., и др. (2019). Место обитания как определяющий фактор формирования микробиома рубца у северных оленей в Арктической России. *Сельскохозяйственная биология*, 54(6), 1177–1187. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2019.6.1177>. EDN: <https://elibrary.ru/GDKXDE>
 9. Holmoy, I. H., Holand, O., Thoresen, S. I., et al. (2009). Associations between annual seasonal variations in body mass and reproductive and blood biochemical parameters in semi-domesticated reindeer. *Rangifer*, 29(1), 51–61. <https://doi.org/10.7557/2.29.1.210>
 10. Южаков, А. А., Мухачев, А. Д., & Лайшев, К. А. (2023). *Породы и проблемы селекции северных оленей России*. Москва: Наука. С. 21–35. ISSN: 0032-874X. ISBN: 978-5-02-040992-7. EDN: <https://elibrary.ru/UXNWUM>
 11. Muuttooranta, K., & Maki-Tanila, A. (2011). Selection decisions among reindeer herders in Finland. *Rangifer*, 31(1), 129–138. <https://doi.org/10.7557/2.31.1.2034>
 12. Кузнецов, В. М. (2014). F-статистики Райта: Оценка и интерпретация. *Проблемы биологии продуктивных животных*, (4), 80–104. EDN: <https://elibrary.ru/TFRDMN>
 13. Доцев, А. В., Романенко, Т. М., Харзинова, В. Р., и др. (2017). Фенотипические и генетические особенности популяций северного оленя ненец-

- кой породы. *Сельскохозяйственная биология*, 52(6), 1175–1183. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2017.6.1175>. EDN: <https://elibrary.ru/YLSVDD>
14. Гулинова, Н. В. (Ред.). (1986). *Агроклиматические условия выпаса оленей на Севере Коми АССР и в Ненецком автономном округе Архангельской области: справочник*. Сыктывкар: Коми книжное издательство. 182 с. <https://search.rsl.ru/ru>
 15. Харзинова, В. Р., Гладырь, Е. А., Романенко, Т. М., и др. (2015). Разработка мультиплексной панели микросателлитов для оценки достоверности происхождения и степени дифференциации северного оленя *Rangifer tarandus*. *Сельскохозяйственная биология*, 50(6), 756–765. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2015.6.756>. EDN: <https://elibrary.ru/VHREQJ>
 16. Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research — an update. *Bioinformatics*, 28, 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
 17. Kalinowski, S. T. (2005). HP-Rare: A computer program for performing rarefaction on measures of allelic diversity. *Molecular Ecology*, 5, 187–189. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00845>
 18. Pattengale, N. D., Alipour, M., Bininda-Emonds, O. R., Moret, B. M., & Stamatakis, A. (2010). How many bootstrap replicates are necessary? *Journal of Computational Biology*, 17(3), 337–354. PMID: 20377449. <https://doi.org/10.1089/cmb.2009.0179>
 19. Garcia-Vallvé, S., Palau, J., & Romeu, A. (1999). Horizontal gene transfer in glycosyl hydrolases inferred from codon usage in *Escherichia coli* and *Bacillus subtilis*. *Molecular Biology and Evolution*, 16(9), 1125–1134.
 20. Sundqvist, L., Keenan, K., Zackrisson, M., et al. (2016). Directional genetic differentiation and relative migration. *Ecology and Evolution*, 6, 3461–3475. <https://doi.org/10.1002/ece3.2096>
 21. Mantel, N. (1967). The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*, 27, 209–220
 22. Денискова, Т. Е., Харзинова, В. Р., Доцев, А. В., и др. (2018). Генетическая характеристика региональных популяций ненецкой породы северного оленя. *Сельскохозяйственная биология*, 53(6), 1152–1161. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2018.6.1152rus>. EDN: <https://elibrary.ru/YYFQHR>
 23. Hartl, D. L., & Clark, A. G. (1997). *Principles of population genetics*. Sunderland, United Kingdom
 24. Преображенский, Б. В. (1953). О повышении продуктивности оленей в Ненецком национальном округе. Архангельск: Архангельское книжное издательство. С. 37–40. <https://search.rsl.ru/ru>. EDN: <https://elibrary.ru/UOUKBJ>

25. Гржибовский, А. М., Иванов, С. В., & Горбатова, М. А. (2016). Описательная статистика с использованием пакетов статистических программ Statistica и SPSS. *Наука и Здоровоохранение*, (1), 7–23. <https://item.asp?id=25654144>. EDN: <https://elibrary.ru/VPKDEL>
26. Рочев, П. А., Брюшинин, П. И., Филиппов, В. Ф., и др. (Ред.). (1984). *Методические рекомендации по системе ведения сельского и промыслового хозяйства в Ненецком автономном округе*. Ленинград: Тип. ВИР. С. 45–49. <https://search.rsl.ru/ru>
27. Гульчак, Ф. Я. (1954). *Северное оленеводство*. Москва: Государственное издательство сельскохозяйственной литературы. С. 55–56. <https://e-catalog.nlb.by>
28. Друри, И. В. (1953). Племенная работа в северном оленеводстве. В *Доклады VI расширенной сессии Учёного совета института* (Вып. II, с. 3–10). Ленинград. https://rusneb.ru/catalog/000199_000009_005582300
29. Брызгалов, Г. Я. (2010). Инбридинг в северном оленеводстве. В *VI Международная научно-практическая конференция «Агропромышленный комплекс: состояние, проблемы, перспективы»* (с. 58–61). Пенза. <https://search.rsl.ru/ru/record/01004879793>. EDN: <https://elibrary.ru/YNBQQP>
30. Бороздин, Э. К., Мухачев, А. Д., & Савадерева, Л. Ф. (1989). Проблемы генетики в северном оленеводстве. В *Совершенствование технологии и повышение экономической эффективности северного животноводства* (с. 45–49). Новосибирск
31. Ануфриев, Г. С. (Ред.). (1991). *Приёмы повышения продуктивности оленеводства Ненецкого автономного округа: Практические рекомендации*. Нарьян-Мар: Нарьян-Марская типография. С. 2–32
32. *Зоотехнические и ветеринарные правила по оленеводству Ненецкого национального округа*. (1947). Нарьян-Мар: Тип. газеты «Нарьяна-Вьндер». С. 3–45
33. Рочев, П. А. (Отв. ред.). (1967). *Мероприятия по ведению сельского и промыслового хозяйства в Ненецком национальном округе*. Ленинград: Издательство РТП ВИР. С. 22–24. <https://e-catalog.nlb.by>
34. Преображенский, Б. В. (1953). Передовой опыт содержания и разведения северных оленей. В *Доклады VI расширенной сессии Учёного Совета института* (Вып. 2, с. 11–20). Ленинград. <https://e-catalog.nlb.by>
35. Марков, А. В., & Ивницкий, С. Б. (2016). Эволюционная роль фенотипической пластичности. *Вестник Московского университета. Серия 16. Биология*, (4), 3–11. <https://item.asp?id=27124566>. EDN: <https://elibrary.ru/WVOSZJ>
36. Спиров, А. В., Левченко, В. Ф., & Сабиров, М. А. (2021). Концепция канализированности и генетической ассимиляции в биологии развития. Со-

временные подходы и исследования. *Журнал эволюционной биохимии и физиологии*, 57(1), 3–16. <https://doi.org/10.31857/S0044452920060091>. EDN: <https://elibrary.ru/RSMXBD>

37. Плященко, С. И., & Сидоров, В. Т. (1987). *Стрессы у сельскохозяйственных животных*. Москва: ВО «Агроиздат». С. 58–70.

References

1. Baskin, L. M. (1970). *Reindeer. Ecology and behavior*. Moscow: Nauka. pp. 3–5.
2. Mathiesen, S. D., Eira, I. M. G., Turi, E. I., Oskal, A., Pogodaev, M., & Tonkorppeeva, M. (Eds.). (2022). *Reindeer husbandry adaptation to the changing Arctic* (Vol. 1). *Springer Polar Sciences*. Cham: Springer. 277 p. <https://doi.org/10.1007/978-3-031-17625-8>. ISBN: 978-3-031-17625-8. EDN: <https://elibrary.ru/GKLUWM>
3. Tishkov, A. A., & Krenke Jr., A. N. (2015). “Greening” of the Arctic in the 21st century as an effect of the synergy between global warming and economic development. *Arctic: Ecology and Economy*, (4(20)), 28–37. <http://arctica-ac.ru/article/184>. EDN: <https://elibrary.ru/VBHPNR>
4. Kurbaev, K. A., Konorov, E. A., Semina, M. T., et al. (2022). Distribution of PRNP gene alleles associated with chronic wasting disease in wild and domestic reindeer (*Rangifer tarandus*) across Russia. *Genetics*, 58(2), 163–168. <https://doi.org/10.31857/S0016675822020102>. EDN: <https://elibrary.ru/GWUUZS>
5. Patova, E. N., Kulyugina, E. E., & Stenina, A. S. (2016). Changes in natural complexes of the Bolshezemelskaya tundra and Polar Urals due to the impact of linear structures of the Bovanenkovo-Ukhta gas pipeline. *Proceedings of the Komi Science Centre, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences*, (3(27)), 54–60. EDN: <https://elibrary.ru/WYMXNP>
6. Rochev, P. A. (Ed.). (1975). *System of agricultural and commercial management in the Nenets National District: Methodological guidelines*. Naryan-Mar: Naryan-Mar Agricultural Experimental Station. RTP. VIR Printing House. pp. 7–27.
7. Lavrinenko, I. A. (2013). Geobotanical zoning of the Bolshezemelskaya tundra and adjacent territories. *Geobotanical Mapping*, 74–92. <https://doi.org/10.31111/geobotmap/2013.74>. EDN: <https://elibrary.ru/RWMCHJ>
8. Ilyina, L. A., Laishev, K. A., Yildirim, E. A., et al. (2019). Habitat as a determining factor in the formation of the rumen microbiome in reindeer in Arctic Russia. *Agricultural Biology*, 54(6), 1177–1187. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2019.6.1177>. EDN: <https://elibrary.ru/GDKXDE>
9. Holmoy, I. H., Holand, O., Thoresen, S. I., et al. (2009). Associations between annual seasonal variations in body mass and reproductive and blood biochem-

- ical parameters in semi-domesticated reindeer. *Rangifer*, 29(1), 51–61. <https://doi.org/10.7557/2.29.1.210>
10. Yuzhakov, A. A., Mukhachev, A. D., & Laishev, K. A. (2023). *Reindeer breeds and selection issues in Russia*. Moscow: Nauka. pp. 21–35. ISSN: 0032-874X. ISBN: 978-5-02-040992-7. EDN: <https://elibrary.ru/UXNWUM>
 11. Muuttooranta, K., & Mäki-Tanila, A. (2011). Selection decisions among reindeer herders in Finland. *Rangifer*, 31(1), 129–138. <https://doi.org/10.7557/2.31.1.2034>
 12. Kuznetsov, V. M. (2014). Wright's F-statistics: Estimation and interpretation. *Problems of Productive Animal Biology*, (4), 80–104. EDN: <https://elibrary.ru/TFRDMN>
 13. Dotsev, A. V., Romanenko, T. M., Kharzinova, V. R., et al. (2017). Phenotypic and genetic features of Nenets reindeer populations. *Agricultural Biology*, 52(6), 1175–1183. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2017.6.1175>. EDN: <https://elibrary.ru/YLSVDD>
 14. Gulina, N. V. (Ed.). (1986). *Agroclimatic conditions for reindeer grazing in the North of the Komi ASSR and the Nenets Autonomous Okrug of Arkhangelsk Oblast: Reference guide*. Syktyvkar: Komi Book Publishing House. 182 p. <https://search.rsl.ru/ru>
 15. Kharzinova, V. R., Gladyr, E. A., Romanenko, T. M., et al. (2015). Development of a multiplex microsatellite panel for assessing pedigree authenticity and differentiation level in reindeer (*Rangifer tarandus*). *Agricultural Biology*, 50(6), 756–765. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2015.6.756>. EDN: <https://elibrary.ru/VHREQJ>
 16. Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research — an update. *Bioinformatics*, 28, 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
 17. Kalinowski, S. T. (2005). HP-Rare: A computer program for performing rarefaction on measures of allelic diversity. *Molecular Ecology Notes*, 5, 187–189. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00845>
 18. Pattengale, N. D., Alipour, M., Bininda-Emonds, O. R., Moret, B. M., & Stamatakis, A. (2010). How many bootstrap replicates are necessary? *Journal of Computational Biology*, 17(3), 337–354. PMID: 20377449. <https://doi.org/10.1089/cmb.2009.0179>
 19. Garcia-Vallvé, S., Palau, J., & Romeu, A. (1999). Horizontal gene transfer in glycosyl hydrolases inferred from codon usage in *Escherichia coli* and *Bacillus subtilis*. *Molecular Biology and Evolution*, 16(9), 1125–1134.
 20. Sundqvist, L., Keenan, K., Zackrisson, M., et al. (2016). Directional genetic differentiation and relative migration. *Ecology and Evolution*, 6, 3461–3475. <https://doi.org/10.1002/ece3.2096>

21. Mantel, N. (1967). The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*, 27, 209–220.
22. Deniskova, T. E., Kharzinova, V. R., Dotsev, A. V., et al. (2018). Genetic characterization of regional populations of the Nenets reindeer breed. *Agricultural Biology*, 53(6), 1152–1161. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2018.6.1152rus>. EDN: <https://elibrary.ru/YYFQHR>
23. Hartl, D. L., & Clark, A. G. (1997). *Principles of population genetics*. Sunderland, United Kingdom.
24. Preobrazhensky, B. V. (1953). On increasing reindeer productivity in the Nenets National District. Arkhangelsk: Arkhangelsk Book Publishing House. pp. 37–40. <https://search.rsl.ru/ru>. EDN: <https://elibrary.ru/UOUKBJ>
25. Grzhibovsky, A. M., Ivanov, S. V., & Gorbatova, M. A. (2016). Descriptive statistics using Statistica and SPSS software packages. *Science and Healthcare*, (1), 7–23. <https://item.asp?id=25654144>. EDN: <https://elibrary.ru/VPKDEL>
26. Rochev, P. A., Bryushinin, P. I., Filippov, V. F., et al. (Eds.). (1984). *Methodological guidelines for the system of agricultural and commercial management in the Nenets Autonomous District*. Leningrad: VIR Printing House. pp. 45–49. <https://search.rsl.ru/ru>
27. Gulchak, F. Ya. (1954). *Northern reindeer husbandry*. Moscow: State Publishing House of Agricultural Literature. pp. 55–56. <https://e-catalog.nlb.by>
28. Druri, I. V. (1953). Breeding work in northern reindeer husbandry. In *Proceedings of the 6th Extended Session of the Scientific Council of the Institute* (Vol. II, pp. 3–10). Leningrad. https://rusneb.ru/catalog/000199_000009_005582300
29. Bryzgalov, G. Ya. (2010). Inbreeding in northern reindeer husbandry. In *6th International Scientific and Practical Conference “Agro-Industrial Complex: State, Problems, and Prospects”* (pp. 58–61). Penza. <https://search.rsl.ru/ru/record/01004879793>. EDN: <https://elibrary.ru/YHBQQP>
30. Borozdin, E. K., Mukhachev, A. D., & Savaderova, L. F. (1989). Problems of genetics in northern reindeer husbandry. In *Improving technology and increasing the economic efficiency of northern animal husbandry* (pp. 45–49). Novosibirsk.
31. Anufriev, G. S. (Ed.). (1991). *Methods for increasing reindeer farming productivity in the Nenets Autonomous District: Practical guidelines*. Naryan-Mar: Naryan-Mar Printing House. pp. 2–32.
32. *Zootechnical and veterinary rules for reindeer husbandry in the Nenets National District*. (1947). Naryan-Mar: Newspaper “Naryana Vynder” Printing House. pp. 3–45.
33. Rochev, P. A. (Ed.). (1967). *Measures for agricultural and commercial management in the Nenets National District*. Leningrad: RTP VIR Publishing House. pp. 22–24. <https://e-catalog.nlb.by>

34. Preobrazhensky, B. V. (1953). Advanced practices in keeping and breeding northern reindeer. In *Proceedings of the 6th Extended Session of the Scientific Council of the Institute* (Vol. 2, pp. 11–20). Leningrad. <https://e-catalog.nlb.by>
35. Markov, A. V., & Ivnitky, S. B. (2016). The evolutionary role of phenotypic plasticity. *Bulletin of Moscow University. Series 16. Biology*, (4), 3–11. <https://item.asp?id=27124566>. EDN: <https://elibrary.ru/WVOSZJ>
36. Spirov, A. V., Levchenko, V. F., & Sabirov, M. A. (2021). The concept of canalization and genetic assimilation in developmental biology: Modern approaches and research. *Journal of Evolutionary Biochemistry and Physiology*, 57(1), 3–16. <https://doi.org/10.31857/S0044452920060091>. EDN: <https://elibrary.ru/RSMXBD>
37. Plyashenko, S. I., & Sidorov, V. T. (1987). *Stress in farm animals*. Moscow: VO “Agroizdat”. pp. 58–70.

ДАННЫЕ ОБ АВТОРЕ

Романенко Татьяна Михайловна, канд. биол. наук, зам. директора центра по научно-организационной работе в НАО – директор филиала *Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики им. академика Н.П. Лаверова Уральского отделения Российской академии наук*
проспект Никольский, 20. г. Архангельск, 163020 Российская Федерация
nmshos@yandex.ru

DATA ABOUT THE AUTHORS

Tatyana M. Romanenko, Cand. Sc. (Biology), Deputy Director of the Center for Research Management in the NAO – Branch Director
Federal Center for Integrated Arctic Research of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences
20, Nikolsky Ave., Arkhangelsk, Russian Federation
nmshos@yandex.ru
SPIN-code: 4471-3253
ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0034-7453>
ResearcherID: HRE-1135-2023
Scopus Author ID: 57188695774

Поступила 13.11.2024

После рецензирования 10.02.2025

Принята 16.02.2025

Received 13.11.2024

Revised 10.02.2025

Accepted 16.02.2025