***** ИЗВЕСТИЯ *****
НИЖНЕВОЛЖСКОГО АГРОУНИВЕРСИТЕТСКОГО КОМПЛЕКСА:
НАУКА И ВЫСШЕЕ ПРОФЕССИОНАЛЬНОЕ ОБРАЗОВАНИЕ
№ 4 (72), 2023

DOI: 10.32786/2071-9485-2023-04-31

GENETIC DIVERSITY OF REGIONAL REINDEER POPULATIONS BASED ON MITOCHONDRIAL DNA CYTB GENE ANALYSIS

V. R. Kharzinova, O. A. Koshkina, A. V. Dotsev, N. A. Zinovieva

L. K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry
Dubrovitsy, Moscow Region, Russian Federation

Corresponding author E-mail: olechka1808@list.ru

Received 13.10.2023 Submitted 20.11.2023

This work was supported by the Russian Science Foundation, project no. 21-16-00071 (sequencing of the wild and domestic Tuvinian reindeer samples), and by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation, project No. 0445-2022-0002 (sequencing of the Nenets reindeer samples)

Summary

The paper presents the results of the analysis of mitochondrial CytB gene polymorphism in regional domestic and wild reindeer populations. The results showed that the wild reindeer were characterized by higher genetic diversity compared to domestic groups. The results obtained in this study can be recommended for use in the implementation of biodiversity conservation programs for the studied reindeer populations of the Russian Far North.

Abstract

Introduction. Reindeer is an important component of the ecosystem of the Russian Far North, a distinctive feature of which is the cohabitation of domestic and wild populations. Studying the characteristics of the genetic diversity of reindeer populations using various types of genetic markers has always been of interest to scientists from different countries. **Object**. The object of the research is samples of biological material of domestic and wild reindeer. **Materials and methods.** A total of 36 individuals were analyzed, including the wild reindeer inhabiting the territory of the Taimyr Autonomous Okrug (WLD, n=16) and domestic reindeer of the Nenets breed bred on the territory of the reindeer herding agricultural enterprise of the Bolshezemelskaya tundra of the Nenets Autonomous Okrug (NEN, n=15) and the Todzha population of the Todzhinsky district of the northeastern part of the Republic of Tuva (TUVA, n=5). The nucleotide sequence of the mitochondrial CytB gene (1140 bp) was determined by Sanger sequencing. Analysis of genetic diversity was carried out based on the values of the number of polymorphic sites (S), the average number of nucleotide differences (K), the number of haplotypes (H), haplotype (Hd) and nucleotide (π) diversity. The construction of the median haplotype connection network was carried out using the PopART 1.7 software. **Results and conclusions.** The development of the test-system allowed to obtain and analyze the complete nucleotide sequence of the mitochondrial gene CytB, on the basis of which it was revealed that the Taimyr population of the wild reindeer was superior to both samples of domestic reindeer in all parameters of genetic diversity: Hd = 0.958±0.036, S=35, K =7.942, π=0.00697±0.00052. The detected high values of haplotype and nucleotide diversity in the wild population may indicate an expansive growth in population size. Analysis of the median network demonstrated, on the one hand, the common origin of the Taimyr population of wild reindeer with representatives of domestic reindeer of the Nenets breed, and the genetic isolation of a sample of domestic reindeer from the Todzha region of the Republic of Tuva, on the other hand.

Key words*: reindeer, cytochrome B gene, mitochondrial DNA, regional deer populations.*

Citation. Kharzinova V. R., Koshkina O. A., Dotsev A. V., Zinovieva N. A. Genetic diversity of regional reindeer populations based on mitochondrial DNA CytB gene analysis. *Proc. of the Lower Volga Agro-University Comp.* 2023. 4(72). 300-308. (in Russian). DOI: 10.32786/2071-9485-2023-04-31.
Author's contribution. All authors of this research paper have directly participated in the planning, execution, or analysis of this study. All authors of this paper have read and approved the final version submitted.
Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.

УДК 636.082

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ РЕГИОНАЛЬНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ СЕВЕРНОГО ОЛЕНЯ НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА ГЕНА CYTB МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК

В. Р. Харзинова, *кандидат биологических наук*
О. А. Кошкина, *аспирант*
А. В. Доцев, *кандидат биологических наук*
Н. А. Зиновьева, *доктор биологических наук, профессор, академик РАН*

ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л. К. Эрнста»
пос. Дубровицы, Московская область, Российская Федерация

Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, проект №. 21-16-00071 (секвенирование образцов дикой таймырской и домашней тувинской популяций северного оленя), и при поддержке Министерства науки и высшего образования РФ тема № 0445-2022-0002 (секвенирование образцов ненецкой породы северного оленя)

Актуальность. Северный олень представляет собой важный компонент экосистемы Крайнего Севера России, отличительной особенностью которого является совместное обитание домашних и диких популяций. Изучение особенностей генетического разнообразия популяций северного оленя с применением различных типов генетических маркеров всегда вызывали интерес ученых разных стран. **Объект.** Объектом исследований являются образцы биологического материала домашних и диких северных оленей. **Материалы и методы.** Всего было проанализировано 36 особей, включая дикого северного оленя, обитающего на территории Таймырского автономного округа (WLD, n=16), и домашних оленей ненецкой породы, разводимой на территории оленеводческого сельхозпредприятия Большеземельской тундры Ненецкого автономного округа (NEN, n=15) и тоджинской популяции Тоджинского района северо-восточной части Республики Тува (TUVA, n=5). Нуклеотидная последовательность митохондриального гена CytB (1140 п.н.) была определена методом секвенирования по Сэнгеру. Анализ генетического разнообразия был проведен на основании значений числа полиморфных сайтов (S), среднего числа нуклеотидных различий (K), количества гаплотипов (H), гаплотипического (Hd) и нуклеотидного (π) разнообразия. Построение медианной сети соединения гаплотипов проводили в программе PopART 1.7. **Результаты и выводы.** Разработка тест-системы позволила получить и провести анализ полной нуклеотидной последовательности митохондриального гена CytB, на основании которого было выявлено, что таймырская популяция дикого северного оленя превосходила обе выборки домашних оленей по всем параметрам генетического разнообразия: Hd = 0,958±0,036, S=35, K=7,942, π=0,00697±0,00052. Обнаруженные высокие значения гаплотипического и нуклеотидного разнообразия в дикой популяции могут свидетельствовать об экспансивном росте численности популяции. Анализ медианной сети продемонстрировал, с одной стороны, общность происхождения таймырской популяции дикого северного оленя с представителями домашних оленей ненецкой породы и генетическую обособленность выборки домашних северных оленей Тоджинского района Республики Тува, с другой стороны.

***Ключевые слова**: северный олень, ген цитохром B, митохондриальная ДНК, региональные популяции оленей.*

Цитирование. Харзинова В. Р., Кошкина О. А., Доцев А. В., Зиновьева Н. А. Генетическое разнообразие региональных популяций северного оленя на основе анализа гена *CytB* митохондриальной ДНК. *Известия НВ АУК.* 2023. 4(72). 300-308. DOI: 10.32786/2071-9485-2023-04-31.

Авторский вклад. Все авторы настоящего исследования принимали непосредственное участие в планировании, выполнении или анализе данного исследования. Все авторы настоящей статьи ознакомились с представленным окончательным вариантом и одобрили его.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Введение. Северный олень (*Rangifer tarandus*) – это парнокопытное животное, обитающее на всей приполярной территории Северного полушария, которое является последним одомашненным человеком животным [1, 2]. По данным проекта Арктического совета "Устойчивое оленеводство", в России насчитывается около 2/3 мирового поголовья домашних северных оленей, обитающих в тундре, лесотундре, бореальных лесах (тайге) и горных районах на площади более 3 млн. км^2 [3]. Домашняя популяция северного оленя представлена четырьмя официально признанными породами, а также породными группами, отличающимися друг от друга по экстерьерно-конституциональным признакам. Наряду с домашними оленями малочисленные народы Севера могут быть обеспечены кормами, одеждой и другими необходимыми средствами для жилья за счет диких популяций северных оленей. Наиболее крупная популяция обитает в центральной Арктике – на Таймыре, в Эвенкии, Якутии – около 480 тыс. особей.

В настоящее время численность популяций северного оленя резко сократилась, что, вероятно, связано с переменами в экономических интересах, глобальным изменением климата и развитием промышленности. Для эффективного управления популяциями северных оленей и преодоления негативных последствий их сокращения необходимо применять современные подходы к оценке и сохранению биоразнообразия этого важного вида. Генетическое разнообразие и популяционная структура северного оленя в России подробно описаны на основе анализа маркеров ядерного генома [4, 5], в то время как генетическая изменчивость северного оленя на основе последовательностей митохондриального генома недостаточно раскрыта, о чем свидетельствуют современные сведения.

Целью настоящей работы является определение гаплотипической изменчивости и генетического разнообразия региональных популяций дикого и домашнего северного оленя на основе анализа полиморфизма митохондриального гена цитохрома B (*CytB*).

Материалы и методы. Объектом исследований являются образцы биологического материала домашних и диких северных оленей. Исследования проводились на оборудовании центра коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» в ФГБНУ ФИЦ ВИЖ имени Л.К. Эрнста.

Всего было проанализировано 36 особей включая диких (n = 16) и домашних (n = 20) северных оленей. Образцы мышечной ткани дикого северного оленя были представлены таймырской популяцией с западного Таймыра (WLD). Диапазон координат территории, с которой были отобраны образцы дикого северного оленя, составил 70° до 74° с.ш. и 91° до 107° в.д. Образцы тканей домашних северных оленей были взяты от домашних оленей ненецкой породы, разводимой на территории оленеводческого сельхозпредприятия Большеземельской тундры Ненецкого автономного округа (NEN, n=15) и тоджинской популяции Тоджинского района северо-восточной части Республики Тува (TUVA, n=5).

Выделение ДНК осуществляли с помощью набора ДНК-Экстран-2 (ООО «Синтол», Россия) согласно протоколу производителя. Количественное определение образцов ДНК проводили методом визуализации полос на 1%-ном агарозном гель-электрофорезе. Точное измерение концентрации ДНК проводили на флуориметре Qubit 3.0 (Thermo Fisher Scientific (ранее Life Technologies), Wilmington, DE, USA). Чистоту ДНК определяли по соотношению поглощения A260/A280 на спектрофотометре NanoDrop2000 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, DE, USA).

Полную нуклеотидную последовательность митохондриального гена *CytB* получали посредством секвенирования по Сэнгеру. Подбор праймеров для постановки ПЦР осуществляли в соответствии с референсной последовательностью полного митохон-

дриального генома северного оленя, представленной в NCBI Rangifer tarandus mitochondrion, complete genome (GenBank: NC_007703.1), с использованием онлайн-ресурса BLAST. Нуклеотидные последовательности прямого и обратного праймеров представлены ниже:

*CytB*_RT_For – 5'-TCGTTGTCATTCAACTACAAGAACA-3',

*CytB*_RT_Rev – 5'-TCCTTTTTCTGGTTTACAAGACCAG-3'.

Наработка целевого фрагмента ДНК проводилась посредством стандартной ПЦР в термоциклере (Applied Biosystems SimpliAmp, "ThermoFisher Scientific, Inc.", США) при следующих условиях (таблица 1).

Таблица 1 – Условия проведения полимеразной цепной реакции определения полной нуклеотидной последовательности митохондриального гена *CytB* северного оленя
Table 1 – Conditions for polymerase chain reaction to determine the complete nucleotide sequence of the reindeer mitochondrial *CytB* gene

Состав реакционной смеси		**Температурно-временной режим**			
Реагент	**Количество, мкл**	**Этап**	**t, °C**	**Время, с**	**Количество циклов**
Деонизироанная вода ddH_2O	5,4	Начальная денатурация	96°C	120	1
2,5×HF Taq реакционный буфер	5	Денатурация	96°C	30	40
dNTP (1 ммоль/л)	1	Отжиг праймеров	61°C	30	
Прямой праймер *CytB*_RT_For (10 пМ)	0,25	Элонгация	72°C	180	
Обратный праймер *CytB*_RT_Rev (10 пМ)	0,25	Заключительная элонгация	72°C	600	1
SmartTaq HF-FuZZ ДНК-полимеразы (5 мкл/U) (ООО "Диалат", Москва, Россия)	0,1	Хранение	10°C	∞	
Геномная ДНК (10 нг/мкл)	1				
Конечный объем	13				

Амплифицированный фрагмент очищали с помощью набора Cleanup Mini для выделения и очистки ДНК из агарозного геля и реакционных смесей (ЗАО "Евроген", Москва, Россия) и секвенировали с использованием коммерческого набора GeneSeq 2.0 (ООО «Синтол» Россия) на генетическом анализаторе "Нанофор 05" (ООО «Синтол», Россия). Сиквенсную реакцию проводили в конечном объеме 20 мкл, содержащим 3 мкл геномной ДНК (10 нг/мкл), 1 мкл (4 пМ) секвенирующего праймера, 8 мкл готовой реакционной смеси и 8 мкл ddH2O. Условия секвенирования были следующими: начальная денатурация в течение 1 мин при 95°C, 30 циклов денатурации при 95°C в течение 10 с, отжига при 50°C в течение 10 с и удлинения при 60°C в течение 2 мин. Продукты ПЦР-секвенирования хранились при температуре 4°C до использования.

Полученные электрофореграммы переводили в нуклеотидную последовательность в программе Mutation Surveyor V5.1.2 [6]. Построение медианной сети соединения гаплотипов [7] проводили в программе PopART 1.7 [8]. Определение наилучших моделей эволюции осуществлялось отдельно для каждого нуклеотида в программе PartitionFinder 2 [9] с использованием скорректированного критерия Akaike с поправкой на информацию (AICc) [10]. Для анализа генетического разнообразия, с использо-

ванием программного обеспечения DnaSP 6.12.01 [11], был проведен расчёт числа полиморфных сайтов (S), среднего числа нуклеотидных различий (K), количества гаплотипов (H), гаплотипического (Hd) и нуклеотидного (π) разнообразия.

Результаты и обсуждение. Показатели генетического разнообразия исследованных региональных выборок домашнего и дикого северного оленя, включая ненецкую породу и тоджинскую популяцию домашнего северного оленя и таймырскую популяцию дикого северного оленя, рассчитанные на основе анализа полной нуклеотидной последовательности митохондриального гена *CytB*, представлены в таблице 2.

Таблица 2 – Параметры генетического разнообразия ненецкой породы и тоджинской популяции домашнего северного оленя и таймырской популяции дикого северного оленя, рассчитанные на основе анализа полной нуклеотидной последовательности митохондриального гена *CytB,* 2023 г.

Table 2 – Parameters of genetic diversity of the Nenets breed and the Todzha population of domestic reindeer and the Taimyr population of the wild reindeer calculated based on analysis of the complete nucleotide sequence of the mitochondrial gene *CytB,* 2023

Порода / популяция	n	S	K	H	Hd (±SEM)	π (±SEM)
Ненецкая порода (NEN)	15	17	4,324	6	0,762±0,096	0,00379±0,0006
Тоджинская популяция (TUVA)	5	5	2,800	4	0,900 ±0,161	0,00246±0,00054
Дикая таймырская популяция (WLD)	16	35	7,942	12	0,958±0,036	0,00697±0,00052

Примечание: n – число образцов, S – число полиморфных сайтов, K – среднее число нуклеотидных различий, H – количество гаплотипов, Hd – гаплотипическое разнообразие, π – нуклеотидное разнообразие.

Согласно данным таблицы 2, по всем исследованным образцам домашних и диких северных оленей было детектировано 22 гаплотипа с преобладанием их количества у особей дикой таймырской популяции. Аналогичная тенденция была выявлена и относительно количества вариабельных участков: их количество было выше у диких оленей (S = 35), чем в обеих выборках домашних оленей, в частности в ненецкой породе и тоджинской популяции – 17 и 5 соответственно. Интересная закономерность была отмечена по распределению разнообразия гаплотипов, практически одинаковые максимальные значения, которого были детектированы у диких северных оленей полуострова Таймыр (Hd = 0,958±0,036) и домашних северных оленей Республики Тува (Hd = 0,900±0,161). При этом надо отметить, что последняя популяция характеризовалась наименьшими значениями среднего числа нуклеотидных различий (K = 2,800), а также нуклеотидного разнообразия (π = 0,00246±0,00054).

На основании нуклеотидных последовательностей полного митохондриального гена *CytB* северного оленя была построена медианная сеть соединения гаплотипов, представленная на рисунке 1.

Как показано на рисунке 1, дикая популяция и ненецкая порода оленей имели общие гаплотипы друг с другом, при этом тоджинская популяция северного оленя была образована лишь приватными гаплотипами. Также стоит отметить, что домашние олени Тоджинского района проявили наибольшую генетическую обособленность от остальных исследованных выборок домашнего и дикого северного оленя.

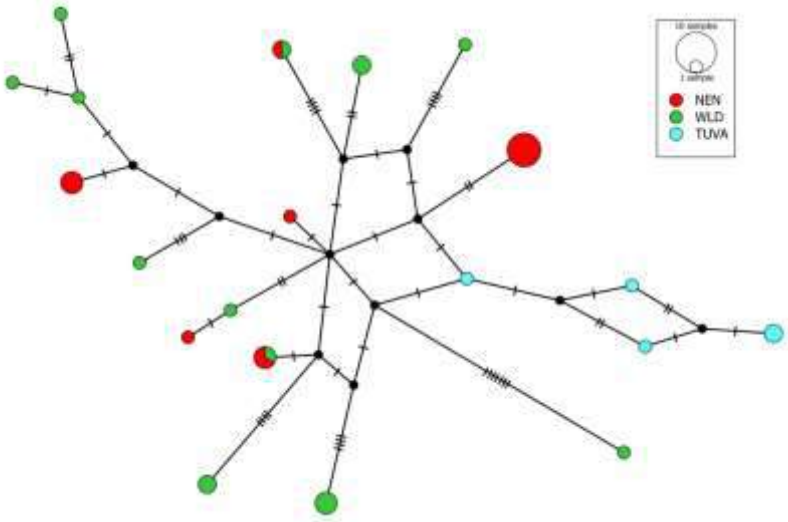

Рисунок 1 – Медианная сеть, характеризующая связи гаплотипов, идентифицированных в ненецкой породе и тоджинской популяции домашнего северного оленя и таймырской популяции дикого северного на основе анализа полиморфизма митохондриального гена *CytB*
Figure 1 – Median network characterizing the connections of haplotypes identified in the Nenets breed and the Todzha population of the domestic reindeer and the Taimyr population of the wild reindeer based on the analysis of polymorphism of the mitochondrial gene *CytB*

Обсуждение. Северный олень – важнейший компонент экосистемы Крайнего Севера России, который играет существенную роль в экономике Севера, обеспечивая занятость и благосостояние малочисленных народов этого обширного региона, являясь объектом как промысла, так и разведения. Обитание как домашних, так и диких северных оленей на одних и тех же территориях является особенностью данного вида и отличает его от большинства других видов животных. Вопросы изучения особенностей генетического разнообразия популяций северного оленя с применением различных типов генетических маркеров всегда вызывали интерес ученых разных стран. Первые результаты были получены в 1960-х годах, а затем последовало широкое применение метода гель-электрофореза [12]. В дальнейшем применение микросателлитных и SNP-маркеров позволило установить, в общем высокий уровень различий между группами домашних и диких северных оленей.

Исследование уровня генетического разнообразия в популяциях и филогенетических связей между группами северных оленей также проводится на основании анализа митохондриальной ДНК. Большинство ранее опубликованных работ было проведено на основании анализа полиморфизма контрольного региона D-петли. Так, своеобразие алтае-саянской популяции сибирского лесного северного оленя Кузнецкого Алатау (Rangifer tarandus valentinae), проявленное в существовании уникальных митохондриальных линий, отсутствии признаков интрогресии мтДНК домашних оленей, а также в низком уровне генетического разнообразия, было показано на основании анализа полиморфизма контрольного региона мтДНК [13]. Аналогичным образом, анализируя последовательности контрольного региона мтДНК, Kvie K.S. et al [14] установили, что северные олени с арктических архипелагов Шпицберген, Земля Франца-Иосифа и Новая Земля филогенетически близкородственны, что указывает на их общее происхождение. В нашей работе, принимая во внимание большую вариабельность D-петли, мы провели исследования региональных выборок домашнего и дикого северного оленя на основании более консервативного участка митохондриальной ДНК гена *CytB*. Выявленные нами

различия в отношении частот митохондриальных гаплотипов между исследованными домашними и дикими популяциями северного оленя, так же были обнародованы при анализе изменчивости последовательностей гена *CytB* в популяциях карибу и домашних северных оленей, обитающих в США и Канаде [15]. Кроме того, высокие значения гаплотипического и нуклеотидного разнообразия были детектированы в выборке диких северных оленей, что может свидетельствовать об экспансивном росте численности данной популяции. Из всех домашних северных оленей малочисленная популяция, разводимая на территории Тоджинского района северо-восточной части Республики Тува, характеризуется экстерьерно-конституциональными отличиями. Данная популяция проявила отличную генетическую структуру и имела в своем составе приватные гаплотипы, дифференцирующие ее от выборки как домашней, так и дикой популяций северного оленя.

Заключение. Таким образом, результаты проведенных исследований, основанные на анализе последовательностей митохондриального гена *CytB*, показали, что таймырская популяция дикого северного характеризуется большим количеством гаплотипов, чем домашние олени ненецкой породы и тоджинской популяции. При этом дикая популяция проявила общность происхождения с ненецкой породой. Домашние олени, разводимые на территории Тоджинского района Республики Тува, имели отличную генетическую структуру, что проявилось в их отдельной кластеризации, как от исследованной выборки домашних оленей ненецкой породы, так и диких северных оленей таймырской популяции.

Несмотря на небольшое количество исследованных в данной работе образцов домашних и диких северных оленей, нами были выявлены интересные закономерности в генетической структуре региональных популяций вида, которые могут быть использованы в качестве рекомендаций при разработке программ по сохранению биоразнообразия этого ценнейшего обитателя Крайнего Севера России.

Conclusions. The obtained results of the current study, based on the analysis of mitochondrial cytochrome b gene sequences, demonstrated that the wild reindeer were characterized by higher genetic diversity than both domestic groups. Tuva reindeer clustered separately from the other populations and were characterized by higher haplotype diversity than the Nenets conspecifics that had a higher average number of nucleotide differences. Our findings will assist in the programs of biodiversity conservation of this essential element of Russia's Far North.

Библиографический список

1. Lundqvist H., Danell Ö., Norell L. Range suitability criteria for reindeer herding. Rangifer. 2003. Vol. 23. No 2. Pp. 48–56.
2. Hirst K. Reindeer Domestication. Available online: http://thoughtco.com/reindeer-history-and-domestication-170666.
3. Klokov K. Reindeer husbandry in Russia. Int. J. Entrep. Small Bus. 2007. Vol. 4. P. 726.
4. Kharzinova V. R., Dotsev A. V., Fedorov V. I., Brem G., Zinovieva N. A. Estimation of biodiversity and population structure of Russian reindeer breeds inhabiting Northeastern Siberia using microsatellite markers. Acta Fytotechn. Zootechn. 2016. Vol. 19. Pp. 87–92.
5. Kharzinova V., Dotsev A., Solovieva A., Sergeeva O., Bryzgalov G., Reyer H., Wimmers K., Brem G., Zinovieva N. Insight into the current genetic diversity and population structure of domestic reindeer (Rangifer tarandus) in Russia. Animals. 2020. Vol. 10. P. 1309.
6. Dong C., Yu B. Mutation surveyor: an in silico tool for sequencing analysis. Methods Mol Biol. 2011. Vol. 760. Pp. 223-237.
7. Bandelt H., Forster P., Röhl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. Molecular Biology and Evolution. 1999. Vol. 16. No 1. Pp. 37–48.
8. Leigh J. W., Bryant D. PopART: Full-feature software for haplotype network construction. Methods in Ecology and Evolution. 2015. Vol. 6. No 9. Pp. 1110–1116.
9. Lanfear R., Frandsen P. B., Wright A. M., Senfeld T., Calcott B. PartitionFinder 2: new methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. Molecular Biology and Evolution. 2017. Vol. 34. No 3. Pp. 772-773.
10. Akaike H. A new look at statistical model identification. IEEE Trans Auto Control. 1974. Vol. 19. Pp. 716–723.

11. Rozas J., Ferrer-Mata A., Sánchez-DelBarrio J. C., Guirao-Rico S., Librado P., Ramos-Onsins S. E., Sánchez-Gracia A. DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets. Molecular Biology and Evolution. 2017. Vol. 34. Pp. 3299-3302.

12. Storset A., Olaisen B., Wika M., Bjarghov R. Genetic markers in the Spitzbergen reindeer. Hereditas. 1978. Vol. 88. Pp. 113–115.

13. Васильченко А. А., Холодова М. В., Баранова А. И., Найденко С. В., Рожнов В. В. Генетическое своеобразие сибирского лесного северного оленя (Rangifer tarandus valentinae Flerov, 1932) Кузнецкого Алатау. Доклады Российской академии наук. Науки о жизни. 2020. Т. 494. № 1. С. 522-526.

14. Kvie K. S., Heggenes J., Røed K. H., Anderson D. G., Kholodova M. V., Sipko T., Mizin I. Colonizing the High Arctic: Mitochondrial DNA Reveals Common Origin of Eurasian Archipelagic Reindeer (Rangifer tarandus). PLoS ONE. 2016. Vol. 11. No 11. P. e0165237.

15. Cronin M. A., Macneil M. D, Patton J. C. Mitochondrial DNA and microsatellite DNA variation in domestic reindeer (Rangifer tarandus tarandus) and relationships with wild caribou (Rangifer tarandus granti, Rangifer tarandus groenlandicus, and Rangifer tarandus caribou). 2006. Vol. 97. No 5. Pp. 525–530.

References

1. Lundqvist H., Danell Ö., Norell L. Range suitability criteria for reindeer herding. Rangifer. 2003. Vol. 23. No 2. Pp. 48–56.

2. Hirst K. Reindeer Domestication. Available online: http://thoughtco.com/reindeer-history-and-domestication-170666.

3. Klokov K. Reindeer husbandry in Russia. Int. J. Entrep. Small Bus. 2007. Vol. 4. P. 726.

4. Kharzinova V. R., Dotsev A. V., Fedorov V. I., Brem G., Zinovieva N. A. Estimation of biodiversity and population structure of Russian reindeer breeds inhabiting Northeastern Siberia using microsatellite markers. Acta Fytotechn. Zootechn. 2016. Vol. 19. Pp. 87–92.

5. Kharzinova V., Dotsev A., Solovieva A., Sergeeva O., Bryzgalov G., Reyer H., Wimmers K., Brem G., Zinovieva N. Insight into the current genetic diversity and population structure of domestic reindeer (Rangifer tarandus) in Russia. Animals. 2020. Vol. 10. P. 1309.

6. Dong C., Yu B. Mutation surveyor: an in silico tool for sequencing analysis. Methods Mol Biol. 2011. Vol. 760. Pp. 223-237.

7. Bandelt H., Forster P., Röhl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. Molecular Biology and Evolution. 1999. Vol. 16. No 1. Pp. 37–48.

8. Leigh J. W., Bryant D. PopART: Full-feature software for haplotype network construction. Methods in Ecology and Evolution. 2015. Vol. 6. No 9. Pp. 1110–1116.

9. Lanfear R., Frandsen P. B., Wright A. M., Senfeld T., Calcott B. PartitionFinder 2: new methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. Molecular Biology and Evolution. 2017. Vol. 34. No 3. Pp. 772-773.

10. Akaike H. A new look at statistical model identification. IEEE Trans Auto Control. 1974. Vol. 19. Pp. 716–723.

11. Rozas J., Ferrer-Mata A., Sánchez-DelBarrio J. C., Guirao-Rico S., Librado P., Ramos-Onsins S. E., Sánchez-Gracia A. DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets. Molecular Biology and Evolution. 2017. Vol. 34. Pp. 3299-3302.

12. Storset A., Olaisen B., Wika M., Bjarghov R. Genetic markers in the Spitzbergen reindeer. Hereditas. 1978. Vol. 88. Pp. 113–115.

13. Vasilchenko A. A., Kholodova M. V., Baranova A. I., Naydenko S. V., Rozhnov V. V. Genetic originality of the Siberian forest reindeer (Rangifer tarandus valentinae Flerov, 1932) Kuznetsk Alatau. Reports of the Russian Academy of Sciences. Life sciences. 2020. V. 494. № 1. Pp. 522-526.

14. Kvie K. S., Heggenes J., Røed K. H., Anderson D. G., Kholodova M. V., Sipko T., Mizin I. Colonizing the High Arctic: Mitochondrial DNA Reveals Common Origin of Eurasian Archipelagic Reindeer (Rangifer tarandus). PLoS ONE. 2016. Vol. 11. No 11. P. e0165237.

15. Cronin M. A., Macneil M. D, Patton J. C. Mitochondrial DNA and microsatellite DNA variation in domestic reindeer (Rangifer tarandus tarandus) and relationships with wild caribou (Rangifer tarandus granti, Rangifer tarandus groenlandicus, and Rangifer tarandus caribou). 2006. Vol. 97. No 5. Pp. 525–530.

Информация об авторах

Харзинова Вероника Руслановна, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л. К. Эрнста» (Российская Федерация, 142132, Московская область, г. о. Подольск, поселок Дубровицы, д. 60), orcid:org/0000-0002-8067-0404, e-mail: veronika0784@mail.ru

Кошкина Ольга Андреевна, аспирант, младший научный сотрудник ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л. К. Эрнста» (Российская Федерация, 142132, Московская область, г. о. Подольск, поселок Дубровицы, д. 60), orcid:org/0000-0003-4830-6626, e-mail: olechka1808@list.ru

Доцев Арсен Владимирович, кандидат биологических наук, заведующий лабораторией, ведущий научный сотрудник ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л. К. Эрнста» (Российская Федерация, 142132, Московская область, г. о. Подольск, поселок Дубровицы, д. 60), orcid:org/0000-0003-3418-2511, e-mail: asnd@mail.ru

Зиновьева Наталья Анатольевна, академик РАН, доктор биологических наук, профессор, директор ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л. К. Эрнста» (Российская Федерация, 142132, Московская область, г. о. Подольск, поселок Дубровицы, д. 60), orcid:org/0000-0003-4017-6863, e-mail: priemnaya-vij@mail.ru

Author's Information

Kharzinova Veronika Ruslanovna, Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher, L. K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry (Russian Federation, 142132, Moscow Region, Podolsk, Dubrovitsy village, 60), orcid:org/0000-0002-8067-0404, e-mail: veronika0784@mail.ru

Koshkina Olga Andreevna, graduate student, junior researcher at the L. K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry (Russian Federation, 142132, Moscow Region, Podolsk, Dubrovitsy village, 60), orcid:org/0000-0003-4830-6626, e-mail: olechka1808@list.ru

Dotsev Arsen Vladimirovich, Candidate of Biological Sciences, Head of the Laboratory, Leading Researcher of the L. K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry (Russian Federation, 142132, Moscow Region, Podolsk, Dubrovitsy village, 60), orcid:org/0000-0003-3418-2511, e-mail: asnd@mail.ru

Zinovieva Natalya Anatolyevna, Academician of the Russian Academy of Sciences, Doctor of Biological Sciences, Professor, Director of the L. K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry (Russian Federation, 142132, Moscow Region, Podolsk, Dubrovitsy village, 60), orcid:org/0000-0003-4017-6863, e-mail: priemnaya-vij@mail.ru

DOI: 10.32786/2071-9485-2023-04-32

EFFECT OF ANTIPARASITIC VETERINARY DRUG ON SURVIVAL AND BIOMASS RATE OF HERMETIA ILLUCENS LARVAE

K. G. Kuznetsova[1], E. V. Mechtaeva[1], A. Z. Zhuravleva[1], A. D. Chernov[2], G. P. Kotova[1], V. Yu. Sitnov[1], D. S. Ryabukhin[1]

[1]All-Russia Research Institute for Food Additives – Branch named after V. M. Gorbatov, Russian Academy of Sciences
Moscow, Russian Federation
[2]Northwest Testing Laboratory, Federal State-Financed Institution «Federal Centre for Animal Health»
Irkutsk, Russian Federation

Corresponding author E-mail: k.kuznetsova@fncps.ru

Received 13.09.2023 Submitted 27.10.2023

The article was published as part of the research topics No. FGUS 2022-0017 and No. FGUS 2022-0018 of the state assignment of the V. M. Gorbatov Federal Research Center for Food Systems of RAS

Summary

This article presents the results of the effect of the antiparasitic drug ivermectin on biomass growth and survival of Black Soldier Fly larvae. The obtained results indicate that Black Soldier Fly larvae are not able to metabolise ivermectin. However, low concentrations of ivermectin in the substrate have no effect on larval development and survival and can be acceptable for rearing larvae as feed.