 © Авторы статьи / Authors of the article

ГЕНЕТИКА/GENETICS

DOI: https://doi.org/10.60797/jbg.2026.33.5 EDN: ELSZPS

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПРОФИЛЯ ЭВЕНСКОЙ ПОРОДЫ ДОМАШНИХ СЕВЕРНЫХ ОЛЕНЕЙ

Научная статья

Додохов В.В.[1, *]
[1] ORCID : 0000-0001-9977-1400;
[1] Арктический государственный агротехнологический университет, Якутск, Российская Федерация

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

Предложена: 05.06.2026; Принята: 04.08.2026; Опубликована: 25.09.2026

Аннотация

В статье представлена характеристика популяционно-генетической структуры эвенской породы домашних северных оленей с использованием 16 микросателлитных локусов ДНК. Анализ данных проводили в средах *Microsoft Excel* (*GeneAlex 6.51*) и *R*, генетическая кластеризация проведена в программе *STRUCTURE*. Исследование выявило высокий уровень генетического разнообразия во всех субпопуляциях (общее число аллелей Na = 165). Установлено, что Усть-Янская субпопуляция обладает наибольшим числом аллелей и высокими показателями гетерозиготности. Показатели Fst (0,006–0,013) свидетельствуют о низком уровне межпопуляционной дифференциации и принадлежности к одной породе с историческим потоком генов. Кластерный анализ определил двух основных генетических групп: одна представлена исключительно оленями из Оймяконского района, вторая имеет смешанный характер (преимущественно животные из Усть-Янского и Томпонского районов), подтверждая их высокое генетическое сходство. Результаты указывают на благоприятное состояние популяции для дальнейшего развития породы.

Ключевые слова: северный олень, эвенская порода, популяционная генетика, генетическое разнообразие, микросателлиты, F-statistics, кластерный анализ, STRUCTURE.

CHARACTERISTICS OF THE GENETIC PROFILE OF THE EVEN BREED OF DOMESTIC REINDEER

Research article

Dodokhov V.V.[1, *]
[1] ORCID : 0000-0001-9977-1400;
[1] Arctic State Agrotechnological University, Yakutsk, Russian Federation

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

Suggested: 05.06.2026; Accepted: 04.08.2026; Published: 25.09.2026

Abstract

The article presents a characterisation of the population-genetic structure of the Even breed of domestic reindeer using 16 microsatellite DNA loci. Data analysis was carried out using *Microsoft Excel* (*GeneAlex 6.51*) and *R*, and genetic clustering was performed using the *STRUCTURE* programme. The research showed a high level of genetic diversity across all subpopulations (total number of alleles Na = 165). It was found that the Ust-Yansk subpopulation possesses the highest number of alleles and high levels of heterozygosity. Fst values (0,006–0,013) indicate a low level of inter-population differentiation and membership of a single breed with a history of gene flow. Cluster analysis identified two main genetic groups: one consists exclusively of reindeer from the Oymyakon district, while the other is of a mixed nature (predominantly animals from the Ust-Yansk and Tompon districts), confirming their high genetic similarity. The results suggest that the population is in a favourable state for the further development of the breed.

Keywords: reindeer, Even breed, population genetics, genetic diversity, microsatellites, F-statistics, cluster analysis, STRUCTURE.

Введение

Эвенская порода домашних северных оленей (*Rangifer tarandus*) представляет собой один из ключевых биологических и хозяйственных ресурсов Республики Саха (Якутия). Данная порода не только выступает фундаментом традиционного уклада жизни коренных малочисленных народов, но и является основой для продовольственной безопасности и экономического развития арктических и субарктических районов региона. Согласно сводным данным на 2026 год, Республика Саха (Якутия) по общему поголовью домашних оленей (166,7 тыс. гол.) находиться на втором месте после Ямало-Ненецкого АО.

Численность оленей эвенской породы в республике на начало года составила около 60% от всего поголовья домашних северных оленей в регионе. Разведением этой породы занимаются в 14 улусах (районах), включая Абыйский, Булунский, Верхнеколымский и другие, что говорит о высокой адаптивности к различным природно-климатическим условиям — от горно-таежных зон до тундры.

Внутри эвенской породы исследователи выделяют две основные популяции — тундровую и таежную (горно-таежную). Такое разделение было обусловлено историческими путями миграции народов севера и спецификой

 © Авторы статьи / Authors of the article

содержания. В отличие от тундровых, таежная популяция развивалась в условиях пересеченной местности и спецификой содержания этих оленей является выпас на коротких маршрутах и небольшими стадами. Будучи адаптированными к условиям горного рельефа, в летний период их выпас проходит на высокогорьях, а в зимнее время в межгорных понижениях и пойменных комплексах речных долин.

Формирование эвенской породы домашних северных оленей проходило под непосредственным влиянием ее хозяйственного использования. Для коренных народов севера домашний северный олень был не только источником пищи, но прежде всего основным средством передвижения. Отбор по рабочим качествам, по скорости передвижения и способности нести груз на протяжении веков способствовал формированию фенотипа современных эвенских оленей.

Проведенные молекулярно-генетические исследования отдельных хозяйств выявили высокий уровень генетического разнообразия [1], [2], [3], [5]. Однако необходимо отметить, что большинство проведенных ранее исследований охватывало лишь отдельные хозяйства или использовали разную панель маркеров, в результате чего комплексная оценка генетической структуры эвенской породы с охватом ключевых районов разведения и применением современных методов многомерной статистики оставалась невыполненной. Настоящая работа восполняет этот пробел и представляет собой анализ генетического профиля эвенской породы домашних северных оленей на основе 16 микросателлитных локусов с оценкой популяционной дифференциации (Fst) и байесовской кластеризацией по трем районам Якутии.

В исследованиях В.Р. Харзиновой и соавторов (2017) разработанный для крупного рогатого скота ДНК-чип BovineSNP50 BeadChip, был успешно использован для генетической дифференциации северного оленя. Проведенный в этой работе анализ выявил наличие приватных аллелей, которые подчеркивают уникальность генофонда эвенской породы [6].

Одним из важных аспектов для разработки эффективных селекционных программ и обеспечения устойчивости животных к изменениям окружающей среды является оценка генетического разнообразия пород сельскохозяйственных животных [7], [8], [9], [10].

Цель настоящей работы — комплексная оценка генетической структуры эвенской породы домашних северных оленей Республики Саха (Якутия) на основе анализа 16 микросателлитных локусов ДНК с определением уровня внутрипопуляционного разнообразия, степени межпопуляционной дифференциации (Fst) и выявлением основных генетических кластеров с использованием байесовского подхода.

Методы и принципы исследования

Объектом исследования послужили домашние северные олени эвенской породы. В работе использовались результаты молекулярно-генетического тестирования, содержащиеся в базе данных «Генетические особенности пород домашних северных оленей Республики Саха (Якутия) по микросателлитным локусам ДНК» (Номер свидетельства: RU 2021620509) [11].

Из базы были извлечены данные генотипирования 481 животного по 16 микросателлитным локусам: домашние северные олени Оймяконского района — 352 головы, Томпонского района — 51 голова и Усть-Янского района — 78 голов. Перечень локусов: Rt6, BMS1788, Rt30, Rt1, Rt9, C143, Rt7, OheQ, FCB193, C217, Rt24, C32, BMS745, NVHRT16, T40, C276.

Обработка данных произведена с использованием надстройки для Microsoft Excel «GeneAlex 6.51» (США) и в среде программирования R (версия 4.5.3) с использованием интегрированной среды разработки RStudio (США). Генетическую структуру исследуемой выборки анализировали с использованием метода байесовской кластеризации в программе *STRUCTURE* v2.3.4 (Pritchard и соавторы, 2000). Анализ проводили на основе модели admixture с предполагаемыми предковыми популяциями (K), варьирующими от 1 до 5. Для каждой величины K было выполнено 10 независимых MCMC-прогонов, каждый прогон включал фазу burn-in длительностью 100000 итераций, за которой следовало 500000 аналитических итераций (MCMC steps).

Результаты

Анализ популяционно-генетической характеристики (табл. 1) показал высокий уровень генетического разнообразия во всех трех исследуемых хозяйствах, что говорит об их благополучном состоянии. Суммарно по всем локусам в трех выборках выявлено 165 аллелей (Томпонская — 127, Усть-Янская — 144, Оймяконская — 137).

Таблица 1 - Популяционно-генетическая характеристика

DOI: https://doi.org/10.60797/jbg.2026.33.5.1

Показатель	Томпонская	Усть-Янская	Оймяконская
Общее число аллелей (*Na*)	7,938 ± 0,793	9,000 ± 1,080	8,563 ± 0,917
Эффективное число (*Ne*)	4,295 ± 0,444	4,664 ± 0,475	4,032 ± 0,453
Наблюдаемая гетерозиготность (*Ho*)	0,683 ± 0,048	0,721 ± 0,039	0,698 ± 0,040
Ожидаемая гетерозиготность (*He*)	0,703 ± 0,047	0,728 ± 0,042	0,688 ± 0,043
Индекс фиксации (*FIS*)	0,036 ± 0,030	0,001 ± 0,017	-0,022 ± 0,012

 © Авторы статьи / Authors of the article

Усть-Янская субпопуляция оленей характеризуется наибольшим количеством аллелей (9,000 ± 1,080), что превышает показатели Томпонской (7,938 ± 0,793) и Оймяконской (8,563 ± 0,917) субпопуляций. Кроме того, олени Усть-Янского района имеют высокие показатели гетерозиготности (наблюдаемая — 0,721, ожидаемая — 0,728) Эти показатели позволяют считать этих оленей ценным генетическим резервуаром для всей породы.

Для оценки степени генетических различий между исследованными субпопуляциями был проведен расчет коэффициентов Fst и генетических расстояний по Нею (табл. 2 и 3).

Таблица 2 - Парные значения Fst

DOI: https://doi.org/10.60797/jbg.2026.33.5.2

	Томпонская	Усть-янская	Оймяконская
Томпонская	0,000		
Усть-янская	0,006	0,000	
Оймяконская	0,013	0,012	0,000

Полученные значения Fst (от 0,006 до 0,013) подтверждают то, что все три субпопуляции относятся к одной большой популяции с интенсивным историческим потоком генов.

Таблица 3 - Генетическое расстояние по Нею

DOI: https://doi.org/10.60797/jbg.2026.33.5.3

	Томпонская	Усть-янская	Оймяконская
Томпонская	0,000		
Усть-янская	0,025	0,000	
Оймяконская	0,064	0,061	0,000

Примечание: NeiD

Наибольшее генетическое расстояние наблюдается между оленями Оймяконского района и двумя другими (0,064 и 0,061). Между оленями Усть-Янского и Томпонского районов генетическое расстояние составило 0,025, что может указывать на сходство их эволюционной истории и возможного обмена животными.

Кластерный анализ с использованием программы *STRUCTURE* позволил визуализировать генетические различия (рис. 1).

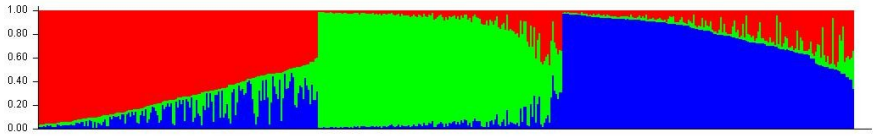

Рисунок 1 - Генетическая кластеризация домашних северных оленей эвенской породы

DOI: https://doi.org/10.60797/jbg.2026.33.5.4

Первый кластер (n=166) на 97% представлены оленями Оймяконского района. Второй кластер (n=143) характеризуется распределением Усть-Янских 52%, Томпонских 34% и Оймяконских оленей 14%. Третий кластер полностью состоит из особей Оймяконского района.

Результаты кластерного анализа показывают существование двух основных генетических групп. Одна группа представлена исключительно оленями Оймяконского района (образуя два отдельных кластера), что свидетельствует о ее генетической изоляции. Вторая группа имеет смешанный характер и включает преимущественно животных из Усть-Янского (52%) и Томпонского (34%) районов, подтверждая их высокую степень генетического сходства, что также подтверждается данными из таблиц 2 и 3 (NeiD=0,025, Fst=0,006).

Пространственное распределение этих групп наглядно отражено на построенной диаграмме (цветовая маркировка: красный — «Усть-Янская», зеленый — «Томпонская», синий – «Оймяконская) (рис. 2).

 © Авторы статьи / Authors of the article

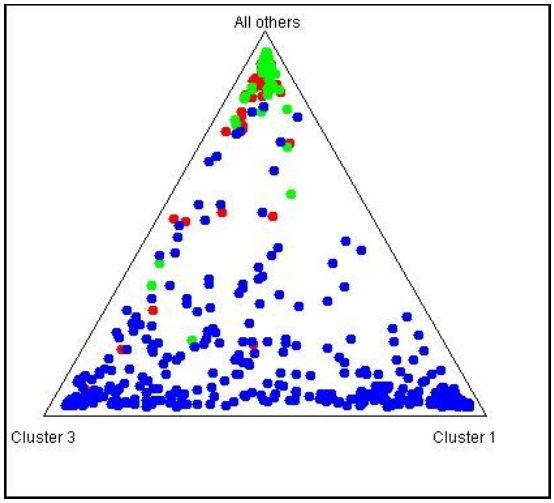

Рисунок 2 - Треугольная диаграмма, показывающая распределение эвенской породы по генетическим кластерам
DOI: https://doi.org/10.60797/jbg.2026.33.5.5

Результаты исследования показали картину внутрипородной генетической структуры эвенской породы, несмотря на принадлежность к одной породе, наблюдаются четкие паттерны пространственной генетической организации.

Высокий уровень генетического разнообразия (Na≈8,5, Ho≈0,7), отсутствие существенного инбридинга (Fis≈0) является благоприятным фактором для дальнейшего развития породы. Низкие значения Fst подтверждают о принадлежности к одной породе. Однако наличие приватных аллелей и результаты кластерного анализа указывают на то, что каждая субпопуляция имеет свои особенности.

Заключение

Проведенный анализ показал наличие высокого уровня генетического разнообразия во всех исследованных субпопуляциях (число аллелей — от 7,94 до 9,00, наблюдаемая гетерозиготность — от 0,683 до 0,721), что свидетельствует о сохранности генофонда и отсутствии негативных последствий инбридинга (индекс фиксации FIS близок к нулю: от –0,022 до 0,036).

Низкие значения парных коэффициентов Fst (0,006–0,013) подтверждают принадлежность всех трех выборок к единой породе с активным историческим потоком генов. В то же время кластерный анализ методом *STRUCTURE* выявил наличие двух основных генетических групп: одна из них представлена исключительно оленями Оймяконского района (два отдельных кластера), что указывает на их относительную генетическую обособленность; вторая группа носит смешанный характер и объединяет преимущественно животных из Усть-Янского (52%) и Томпонского (34%) районов, что согласуется с минимальными генетическими расстояниями между этими субпопуляциями (NeiD = 0,025). Таким образом, внутри эвенской породы прослеживается пространственная генетическая структура, обусловленная, вероятно, историческими особенностями и системами содержания.

Полученные данные создают основу для мониторинга генетического состояния субпопуляций, выявления потенциальных резервных групп и разработки рекомендаций по сохранению внутрипородного разнообразия при планировании селекционных мероприятий.

Финансирование

Российский Научный Фонд, проект № 25-26-20156, https://rscf.ru/project/25-26-20156/.

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

Russian Science Foundation, Project № 25-26-20156, https://rscf.ru/project/25-26-20156/.

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. Брызгалов Г.Я. Ассоциации живой массы и генотипического разнообразия популяций оленей чукотской и эвенской пород Крайнего Северо-Востока России / Г.Я. Брызгалов, Е.А. Витомскова, Е.В. Гинтер // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. — 2025. — Т. 55. — № 9. — С. 68–74. — DOI: 10.26898/0370-8799-2025-9-7. — EDN IJXRIK.

2. Додохов В.В. Генетическая вариабельность эвенской породы домашних северных оленей усть-янской популяции / В.В. Додохов, Т.Д. Румянцева // Journal of Agriculture and Environment. — 2025. — № 3 (55). — DOI: 10.60797/JAE.2025.55.5. — EDN BTTWLB.

3. Додохов В.В. Изучение генетического профиля эвенской породы северных оленей по микросателлитным локусам / В.В. Додохов // Ветеринария и кормление. — 2022. — № 4. — С. 15–16. — DOI: 10.30917/ATT-VK-1814-9588-2022-4-4. — EDN ELPNNS.

4. Соловьева А.Д. Исследование генетической структуры домашних и диких северных оленей Республики Саха (Якутия) с использованием STR-анализа / А.Д. Соловьева, В.Р. Харзинова, Т.Е. Денискова [и др.] // Генетика и разведение животных. — 2022. — № 3. — С. 5–11. — DOI: 10.31043/2410-2733-2022-3-5-11.

5. Столповский Ю.А. Генетическая оценка пород северного оленя (Rangifer tarandus) и их дикого предка с помощью новой панели STR-маркеров / Ю.А. Столповский, О.В. Бабаян, С.Н. Каштанов [и др.] // Генетика. — 2020. — Т. 56. — № 12. — С. 1410–1426. — DOI: 10.31857/S0016675820120139.

6. Харзинова В.Р. Популяционно-генетическая характеристика домашнего северного оленя в Республике Саха (Якутия) на основании полногеномного SNP анализа / В.Р. Харзинова, А.В. Доцев, А.Д. Соловьева [и др.] // Сельскохозяйственная биология. — 2017. — Т. 52. — № 4. — С. 669–678. — DOI: 10.15389/agrobiology.2017.4.669rus. — EDN ZFTXZR.

7. Матюков В.С. Генетическое разнообразие домашнего северного оленя по маркерам двух типов / В.С. Матюков, Я.А. Жариков // Аграрный вестник Урала. — 2022. — № 11 (226). — С. 46–57. — DOI: 10.32417/1997-4868-2022-226-11-46-57. — EDN AYSUNL.

8. Митрофанова О.В. Оценка возможности использования микросателлитных маркеров у северного оленя *Rangifer Tarandus* / О.В. Митрофанова, Н.В. Дементьева, О.К. Зозуля [и др.] // Проблемы освоения и сохранения Арктик : материалы Всероссийской научнопрактической конференции. — Санкт-Петербург : Санкт-Петербургский государственный университет аэрокосмического приборостроения, 2015. — С. 117–118. — EDN UYTGOB.

9. Харзинова В.Р. Разработка мультиплексной панели микросателлитов для оценки достоверности происхождения и степени дифференциации популяций северного оленя (Rangifertarandus) / В.Р. Харзинова [и др.] // Сельскохозяйственная биология. — 2015. — № 50 (6). — С. 756–765. — DOI: 10.15389/agrobiology.2015.6.756rus. — EDN VHREQJ.

10. Соловьева А.Д. Исследование генетической структуры домашних и диких северных оленей Республики Саха (Якутия) с использованием STR-анализа / А.Д. Соловьева, В.Р. Харзинова, Т.Е. Денискова [и др.] // Генетика и разведение животных. — 2022. — № 3. — С. 5–11. — DOI: 10.31043/2410-2733-2022-3-5-11. — EDN DAWAMX.

11. Додохов В.В. Генетические особенности пород домашних северных оленей республики Саха (Якутия) по микросателлитным локусам ДНК : свидетельство о государственной регистрации базы данных RU 2021620509 / В.В. Додохов, Т.Д. Румянцева, Н.И. Павлова [и др.]; заявитель Арктический государственный агротехнологический университет. — № 2021620388; заявл. 2021-03-11; опубл. 2021-03-17. — EDN YRYKUK.

Список литературы на английском языке / References in English

1. Bryzgalo G.Ya. Assotsiatsii zhivoi massi i genotipicheskogo raznoobraziya populyatsii olenei chukotskoi i evenskoi porod Krainego Severo-Vostoka Rossii [Associations of live weight and genotypic diversity of deer populations of the Chukchi and Even breeds of the Far North-East of Russia] / G.Ya. Bryzgalov, E.A. Vitomskova, E.V. Ginter // Sibirskii vestnik selskokhozyaistvennoi nauki [Siberian Herald of Agricultural Science]. — 2025. — Vol. 55. — № 9. — P. 68–74. — DOI: 10.26898/0370-8799-2025-9-7. — EDN IJXRIK. [in Russian]

2. Dodokhov V.V. Geneticheskaya variabelnost evenskoi porodi domashnikh severnikh olenei ust-yanskoi populyatsii [Genetic variability of the Even breed of domestic reindeer of the Ust-Yansk population] / V.V. Dodokhov, T.D. Rumyantseva // Journal of Agriculture and Environment. — 2025. — № 3 (55). — DOI: 10.60797/JAE.2025.55.5. — EDN BTTWLB. [in Russian]

3. Dodokhov V.V. Izuchenie geneticheskogo profilya evenskoi porodi severnikh olenei po mikrosatellitnim lokusam [A study of the genetic profile of the Even reindeer breed based on microsatellite loci] / V.V. Dodokhov // Veterinariya i kormlenie [Veterinary Medicine and Animal Nutrition]. — 2022. — № 4. — P. 15–16. — DOI: 10.30917/ATT-VK-1814-9588-2022-4-4. — EDN ELPNNS. [in Russian]

4. Soloveva A.D. Issledovanie geneticheskoi strukturi domashnikh i dikikh severnikh olenei Respubliki Sakha (Yakutiya) s ispolzovaniem STR-analiza [A study of the genetic structure of domestic and wild reindeer in the Republic of Sakha (Yakutia) using STR analysis] / A.D. Soloveva, V.R. Kharzinova, T.E. Deniskova [et al.] // Genetika i razvedenie zhivotnikh [Genetics and Animal Breeding]. — 2022. — № 3. — P. 5–11. — DOI: 10.31043/2410-2733-2022-3-5-11. [in Russian]

5. Stolpovsky Yu.A. Geneticheskaya otsenka porod severnogo olenya (Rangifer tarandus) i ikh dikogo predka s pomoshchyu novoi paneli STR-markerov [Genetic evaluation of reindeer (Rangifer tarandus) breeds and their wild ancestor using a new panel of STR markers] / Yu.A. Stolpovsky, O.V. Babayan, S.N. Kashtanov [et al.] // Genetika [Genetics]. — 2020. — Vol. 56. — № 12. — P. 1410–1426. — DOI: 10.31857/S0016675820120139. [in Russian]

6. Kharzinova V.R. Populyatsionno-geneticheskaya kharakteristika domashnego severnogo olenya v Respublike Sakha (Yakutiya) na osnovanii polnogenomnogo SNP analiza [Population-genetic characteristics of domestic reindeer in the Republic of Sakha (Yakutia) based on whole-genome SNP analysis] / V.R. Kharzinova, A.V. Dotsev, A.D. Soloveva [et al.] // Selskokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]. — 2017. — Vol. 52. — № 4. — P. 669–678. — DOI: 10.15389/agrobiology.2017.4.669rus. — EDN ZFTXZR. [in Russian]

7. Matyukov V.S. Geneticheskoe raznoobrazie domashnego severnogo olenya po markeram dvukh tipov [Genetic diversity of domestic reindeer based on two types of markers] / V.S. Matyukov, Ya.A. Zharikov // Agrarnii vestnik Urala [Ural Agricultural Bulletin]. — 2022. — № 11 (226). — P. 46–57. — DOI: 10.32417/1997-4868-2022-226-11-46-57. — EDN AYSUNL. [in Russian]

 © Авторы статьи / Authors of the article

8. Mitrofanova O.V. Otsenka vozmozhnosti ispolzovaniya mikrosatellitnikh markerov u severnogo olenya *Rangifer tarandus* [Assessment of the possibility of using microsatellite markers in reindeer *Rangifer tarandus*] / O.V. Mitrofanova, N.V. Dementieva, O.K. Zozulya [et al.] // Problemi osvoeniya i sokhraneniya Arktiki [Problems of development and conservation of the Arctic] : materials of the All-Russian Scientific and Practical Conference. — Saint Petersburg : Saint Petersburg State University of Aerospace Instrumentation, 2015. — P. 117–118. — EDN UYTGOB. [in Russian]

9. Kharzinova V.R. Razrabotka multipleksnoi paneli mikrosatellitov dlya otsenki dostovernosti proiskhozhdeniya i stepeni differentsiatsii populyatsii severnogo olenya (Rangifertarandus) [Development of a multiplex microsatellite panel for assessing the authenticity of origin and the degree of differentiation of reindeer (Rangifertarandus) populations] / V.R. Kharzinova [et al.] // Selskokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]. — 2015. — № 50 (6). — P. 756–765. — DOI: 10.15389/agrobiology.2015.6.756rus. — EDN VHREQJ. [in Russian]

10. Soloveva A.D. Issledovanie geneticheskoi strukturi domashnikh i dikikh severnikh olenei Respubliki Sakha (Yakutiya) s ispolzovaniem STR-analiza [A study of the genetic structure of domestic and wild reindeer in the Republic of Sakha (Yakutia) using STR analysis] / A.D. Soloveva, V.R. Kharzinova, T.E. Deniskova [et al.] // Genetika i razvedenie zhivotnikh [Animal Genetics and Breeding]. — 2022. — № 3. — P. 5–11. — DOI: 10.31043/2410-2733-2022-3-5-11. — EDN DAWAMX. [in Russian]

11. Dodokhov V.V. Geneticheskie osobennosti porod domashnikh severnikh olenei respubliki Sakha (Yakutiya) po mikrosatellitnim lokusam DNK [Genetic characteristics of domestic reindeer breeds in the Republic of Sakha (Yakutia) based on microsatellite DNA loci: database registration] : certificate of state registration of the RU 2021620509 database / V.V. Dodokhov, T.D. Rumyantseva, N.I. Pavlova [et al.]; the applicant Arctic State Agrotechnological University. — № 2021620388; appl. 2021-03-11; publ. 2021-03-17. — EDN YRYKUK. [in Russian]