

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И ПОПУЛЯЦИОННОЙ СТРУКТУРЫ ОСЕТИНСКОЙ ПОРОДЫ В СРАВНЕНИИ С ДРУГИМИ ПОРОДАМИ ГРУБОШЕРСТНЫХ ЖИРНОХВОСТЫХ ОВЕЦ НА ОСНОВЕ ДАННЫХ SNP-ГЕНОТИПИРОВАНИЯ

© 2023 г. Т. Е. Денискова^{1, *}, А. В. Доцев¹, М. И. Селионова², Н. А. Зиновьева^{1, **}

¹Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, городской округ Подольск, пос. Дубровицы, 142132 Россия

²Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва, 127434 Россия

*e-mail: horarka@yandex.ru

**e-mail: n_zinovieva@mail.ru

Поступила в редакцию 05.05.2023 г.

После доработки 15.06.2023 г.

Принята к публикации 20.06.2023 г.

Впервые проведен анализ генетического разнообразия осетинской породы овец с использованием полногеномных SNP-профилей в сравнительном аспекте с другими российскими грубошерстными породами. Установлено, что осетинская порода отличается высоким генетическим и аллельным разнообразием. Впервые рассчитаны современные и исторические эффективные размеры популяции осетинской породы. Показаны близкие генетические взаимосвязи между осетинской и карачаевской породами овец, что подтверждается низким значением дифференциации ($F_{st} = 0.009$) и формированием единого кластера в структуре генетической сети. Выявлена схожесть популяционной структуры осетинской и карачаевской пород.

Ключевые слова: SNP, локальные породы, домашние овцы, генетическое разнообразие, эффективный размер популяции.

DOI: 10.31857/S0016675823110048, **EDN:** NNRNBV

Овцеводство — это популярное направление животноводческой деятельности на территориях с преобладающим горным рельефом и с эпохи неолита главный источник существования населения древнего Кавказа [1]. В Республике Осетии овцеводство — это основное традиционное занятие, обеспечивающее осетин бараниной, молоком, сыром, шерстью и кожей [2]. Живые овцы и продукты овцеводства активно использовались для натурального обмена на различные товары, а также в качестве выплаты феодальных податей [2]. Известно, что особенно ценились животные черно-бурой масти, так как их шерсть была основой для изготовления высококачественного сукна — “осетинского сукна” [1].

Неприхотливая и выносливая осетинская порода овец приспособлена к суровым условиям обитания и характеризуется хорошей мясной продуктивностью и высокими вкусовыми качествами баранины без специфического запаха. Кроме того, до сих пор шерсть используется для изготовления бурок, валяной обуви и иных изделий [3]. Численность осетинской породы претер-

пела довольно большие изменения за последние 20 лет: 2200 голов в 2000 г., 3400 голов в 2010 г., 4300 голов в 2011 г., 3400 голов в 2012 г. и 1300 голов в 2019 г. [4, 5].

Считается, что осетинская порода произошла от средневековых пород или популяций овец, которых разводили аланы — ираноязычные кочевые племена скифо-сарматского происхождения, в послемонгольский период [1, 6]. Согласно историческим сведениям, до оттеснения в горы аланы-осетины активно практиковали систему отгонного овцеводства, которая была возрождена при переселении на равнины [6].

Для разработки научно обоснованных программ по сохранению генофонда уникальной осетинской породы необходимо проводить генетический мониторинг. Тем не менее практически ничего неизвестно о генетическом разнообразии, популяционной структуре и демографической истории осетинской породы овец.

Внедрение высокопроизводительных технологий для проведения массового параллельного генотипирования однонуклеотидных полиморфиз-

мов (SNP) открыло эру геномных исследований сельскохозяйственных животных. Среди различных направлений применения ДНК-чипов особую популярность нашло их использование для геномной характеристики локальных пород овец [7, 8]. Так, E. Ciani et al. [7] провели масштабное геномное изучение 19 итальянских пород овец с использованием ДНК-чипов, в результате чего было показано наличие активного потока генов между этими породами в прошлом и незадокументированной интродукции с диким муфлоном. На основе применения чипа Illumina OvineSNP50 для анализа популяционной структуры 18 аборигенных валлийских пород овец было продемонстрировано, что изучаемые овцы не образовывали генетически однородной группы (попарные значения показателя F_{st} между породами варьировали от 0.107 до 0.201) [8]. С помощью ДНК-чипов были рассчитаны значения эффективного размера популяции киргизских локальных пород овец, которые варьировали от 176 в алайской породе до 563 в айкольской породе [9]. Геномные исследования десяти алжирских и марокканских пород овец выявили, что некоторые породы разного происхождения генетически неразличимы. Полученные результаты поставили под сомнение целостность геномных ресурсов этих местных пород, сохранение которых имеет решающее значение для будущего сектора животноводства региона Магриба [10]. SNP-анализ пяти шведских пород показал, что эти породы представляют собой пять различных пород, в то время как гуте и готланд более тесно связаны друг с другом [11]. Кроме того, использование ДНК-чипа позволило оценить популяционную структуру и генетическое разнообразие бразильских пород овец санта-инес, морада нова, бразильская чернобрюхая и бразильская жирнохвостая, разводимых экстенсивным способом [12].

В связи с этим цель настоящей работы — характеристика генетического разнообразия и анализ популяционной структуры осетинской породы овец на основе полногеномных SNP-профилей.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Выборка осетинской породы была представлена 30 образцами (OSET, $n = 30$). В качестве групп сравнения были использованы образцы овец грубошерстных жирнохвостых овец, в том числе: карачаевской, лезгинской, тушинской, андийской, каракульской, эдильбаевской и тувинской короткожирнохвостой пород. Краткая характеристика изучаемых пород [13] представлена в табл. 1.

Исследуемые образцы овец были генотипированы с использованием ДНК-чипов OvineSNP50 BeadChip (Illumina, San Diego, CA, США) или Ovine Infinium HD BeadChip (Illumina, San Diego, CA, США) [14]. После объединения генотипиче-

ских данных в анализе осталось всего 42 230 ауто-сомных SNP, которые перекрывались между двумя ДНК-чипами.

Проведены контроль качества генотипирования и выбор SNP для проведения дальнейшего анализа. SNP, расположенные на половых хромосомах или с неизвестной локацией, а также отсутствующие у менее чем 90% образцов, были удалены из анализа. Дополнительно были отброшены SNP-маркеры, для которых частота минорного аллеля (MAF) составила менее 5% и которые были идентифицированы как неполиморфные.

Параметры генетического разнообразия, включая наблюдаемую гетерозиготность (H_o), несмещенную ожидаемую гетерозиготность (uH_e) и несмещенный коэффициент инбридинга (uF_{is}) с 95%-ным доверительным интервалом (CI95%), и рифицированное аллельное разнообразие (A_r) были рассчитаны в R “diveRsity” [15].

Эффективный размер популяции (N_e) был рассчитан на основе анализа неравновесия по сцеплению (LD) в программе SNeP [16]. При расчетах были установлены параметры по умолчанию, за исключением поправки на размер выборки, частоты мутаций ($\alpha = 2.2$ [17]) и скорости рекомбинации между парой генетических маркеров по [18].

Генетическая дифференциация между изучаемыми популяциями овец проводилась путем расчета попарных значений показателя F_{st} [19] с помощью пакета R StAMPP [20].

Анализ главных компонент (Principal Component Analysis, PCA) был выполнен в PLINK v1.9 [21] и визуализирован с помощью пакета R “ggplot2” [22].

Генетическая сеть Neighbor-Net, основанная на матрице попарных значений F_{st} , была построена в программе SplitsTree 4.14.5 [23].

Геномная кластеризация была изучена с использованием программного обеспечения Admixture v1.3 [24] и визуализирована с помощью пакета R “pophelper” [25].

РЕЗУЛЬТАТЫ

Анализ параметров генетического разнообразия показал, что наблюдаемая гетерозиготность не сильно варьировала в изучаемых популяциях грубошерстных локальных пород: от 0.367 в андийской породе до 0.388 в лезгинской породе соответственно (табл. 2). Уровень наблюдаемой гетерозиготности, рассчитанный для выборки осетинской породы, приближался к высоким значениям среди изучаемых популяций ($H_o = 0.386$). В осетинской породе отмечена незначительная тенденция к недостатку гетерозигот, так как значение коэффициента инбридинга было положительным, но не достоверным.

Таблица 1. Краткая характеристика овец осетинской и других грубошерстных пород (*Ovis aries*), используемых в исследовании

№	Порода	Аббревиатура	Объем выборки	Краткая характеристика	Регион отбора проб
1	Осетинская	OSET	30	Мясо-шерстно-молочная. Живая масса 45–50 кг (♀), 65–90 кг (♂)	Республика Северная Осетия-Алания
2	Карачаевская	KRCH	41	Мясо-шерстно-молочная. Живая масса 45–50 кг (♀), 65–90 кг (♂). Молоко – сырье для брынзы. Высокая валкость шерсти	Карачаево-Черкесская Республика
3	Лезгинская	LEZG	42	Мясо-шерстно-молочная. Живая масса 40–45 кг (♀), 60–65 кг (♂). Шерсть – сырье для производства ковров. Круглогодичное пастбищное содержание	Республика Дагестан
4	Тушинская	TUSH	17	Мясо-шерстно-молочная. Живая масса 40–45 кг (♀), 60–65 кг (♂). Приспособлены к длительным переходам	Республика Дагестан
5	Андийская	ANDB	17	Мясо-шерстно-молочная. Живая масса 40–42 кг (♀), 46–55 кг (♂). Высокая насыщенность цвета шерсти (белый и черный)	Республика Дагестан
6	Каракульская	KARA	41	Мясо, овчины, смушки. Живая масса 45–50 кг (♀), 65–90 кг (♂). Красивый узор меха. Выносливы к засушливому климату	Республика Калмыкия
7	Эдильбаевская	EDLB	41	Мясосальная. Живая масса 65–70 кг (♀), 110–120 кг (♂). Крепкая конституция, высокая выносливость	Волгоградская область
8	Тувинская короткожирно-хвостая	TUVA	41	Мясная. Живая масса 45–56 кг (♀), 67–78 кг (♂). Приспособлены к суровым условиям	Республика Тыва

Примечание. Краткая характеристика пород взята из книги “Справочник пород и типов сельскохозяйственных животных, разводимых в Российской Федерации”, подготовленной под руководством И.М. Дунина и А.Г. Данкверта [13].

Аллельное разнообразие в осетинской породе (наряду с лезгинской породой) было наиболее высоким среди исследуемых пород: $A_r = 1.992$ по сравнению с вариациями от 1.972 в андийской породе до 1.990 в карачаевской и тувинской короткожирнохвостой породах.

Значения эффективного размера популяции, рассчитанного для трех поколений назад, варьировали от 98 в андийской породе до 516 в тувинской короткожирнохвостой породе (табл. 2). Современный эффективный размер популяции осетинской породы был довольно высок и составлял 406 рассчитанных особей.

Анализ изменений эффективного размера популяций, рассчитанного для 50 поколений назад, показал, что снижение этого показателя с течени-

ем поколений наблюдалось у всех исследуемых групп овец (рис. 1).

Дополнительно были проанализированы тенденции изменений исторического эффективного размера популяций, рассчитанного для 520 поколений назад (рис. 2). У осетинской породы наблюдалось несколько пиков и спадов в разрезе исторических поколений. Так, например, 506 поколений назад спад наблюдался как у осетинской ($N_{e506} = 5264$ по сравнению с $N_{e520} = 6069$), так и у других изучаемых пород овец, за которым последовал рост ($N_{e430} = 6269$). Исторический эффективный размер популяции осетинской породы был максимальным 235 поколений назад ($N_{e235} = 6360$). Снижение эффективного размера численности

Таблица 2. Генетическое разнообразие в осетинской и других изучаемых грубошерстных породах овец (*Ovis aries*)

Порода	<i>n</i>	H_o	uH_e	uF_{is}	A_r	N_{e3}	N_{e5}	N_{e15}
OSET	30	0.386	0.387	0.002 [0; 0.004]	1.992	406	560	1035
KRCH	41	0.386	0.385	−0.003 [−0.005; −0.001]	1.990	351	469	893
LEZG	42	0.388	0.389	0.002 [0; 0.004]	1.992	371	556	1233
TUSH	17	0.383	0.386	0.007 [0.005; 0.009]	1.991	211	324	764
ANDB	17	0.367	0.364	−0.007 [−0.009; −0.005]	1.972	98	129	250
KARA	41	0.380	0.378	−0.007 [−0.009; −0.005]	1.985	290	412	854
EDLB	41	0.383	0.379	−0.008 [−0.01; −0.006]	1.985	255	357	710
TUVA	41	0.385	0.385	0 [−0.002; 0.002]	1.990	516	706	1442

Примечание. *n* – число образцов; H_o – наблюдаемая гетерозиготность; uH_e – несмещенная ожидаемая гетерозиготность; uF_{is} – несмещенный коэффициент инбридинга; A_r – аллельное разнообразие; N_{e3} , N_{e5} и N_{e15} – эффективный размер популяции, рассчитанный для трех, пяти и 15 поколений назад. В квадратных скобках обозначен размах изменчивости uF_{is} при доверительном интервале 95%. Стандартные ошибки (SE) составляли ± 0.001 для показателей H_o , uH_e , A_r .

Таблица 3. Попарные значения F_{st} , рассчитанные для осетинской и других изучаемых грубошерстных пород овец (*Ovis aries*)

	OSET	KRCH	LEZG	TUSH	ANDB	KARA	EDLB	TUVA
OSET								
KRCH	0.009							
LEZG	0.012	0.017						
TUSH	0.013	0.019	0.008					
ANDB	0.033	0.037	0.032	0.034				
KARA	0.030	0.034	0.025	0.026	0.051			
EDLB	0.025	0.030	0.021	0.023	0.047	0.026		
TUVA	0.020	0.023	0.017	0.019	0.042	0.023	0.017	

снижается со 180 поколений назад вплоть до современных значений.

Анализ главных компонент показал, что первая главная компонента (PC1), ответственная за 10.92% генетической изменчивости, разделяет исследуемые породы на несколько групп (рис. 3). Первая группа была сформирована осетинской, каракаевской, лезгинской, тушинской и андийской породами. Вторая группа включала в себя эдильбаевскую, тувинскую короткожирнохвостую (левый верхний квадрант) и каракульскую (левый нижний квадрант) породы.

Генетическая сеть, построенная для осетинской и других изучаемых грубошерстных пород овец на основе расчета попарных значений F_{st} , показала наличие двух кластеров (рис. 4). В первый кластер входили каракульская, эдильбаевская

и тувинская короткожирнохвостая породы. Вторым кластером был представлен группой осетинской и каракаевской пород, независимой ветвью андийской породы и группой лезгинской и тушинской пород.

Наименьшее значение F_{st} было идентифицировано между осетинской и каракаевской породами ($F_{st} = 0.009$), а наибольшее – между осетинской и андийской и между осетинской и каракульской породами ($F_{st} = 0.033$ и $F_{st} = 0.03$ соответственно). Значения F_{st} составили 0.012 и 0.013 для пар осетинская и лезгинская, осетинская и тушинская соответственно (табл. 3).

Кластерный анализ продемонстрировал, что при $K = 2$ породы распределились по двум кластерам, соответствующим детектированным ранее с помощью PCA-анализа и построения генетической

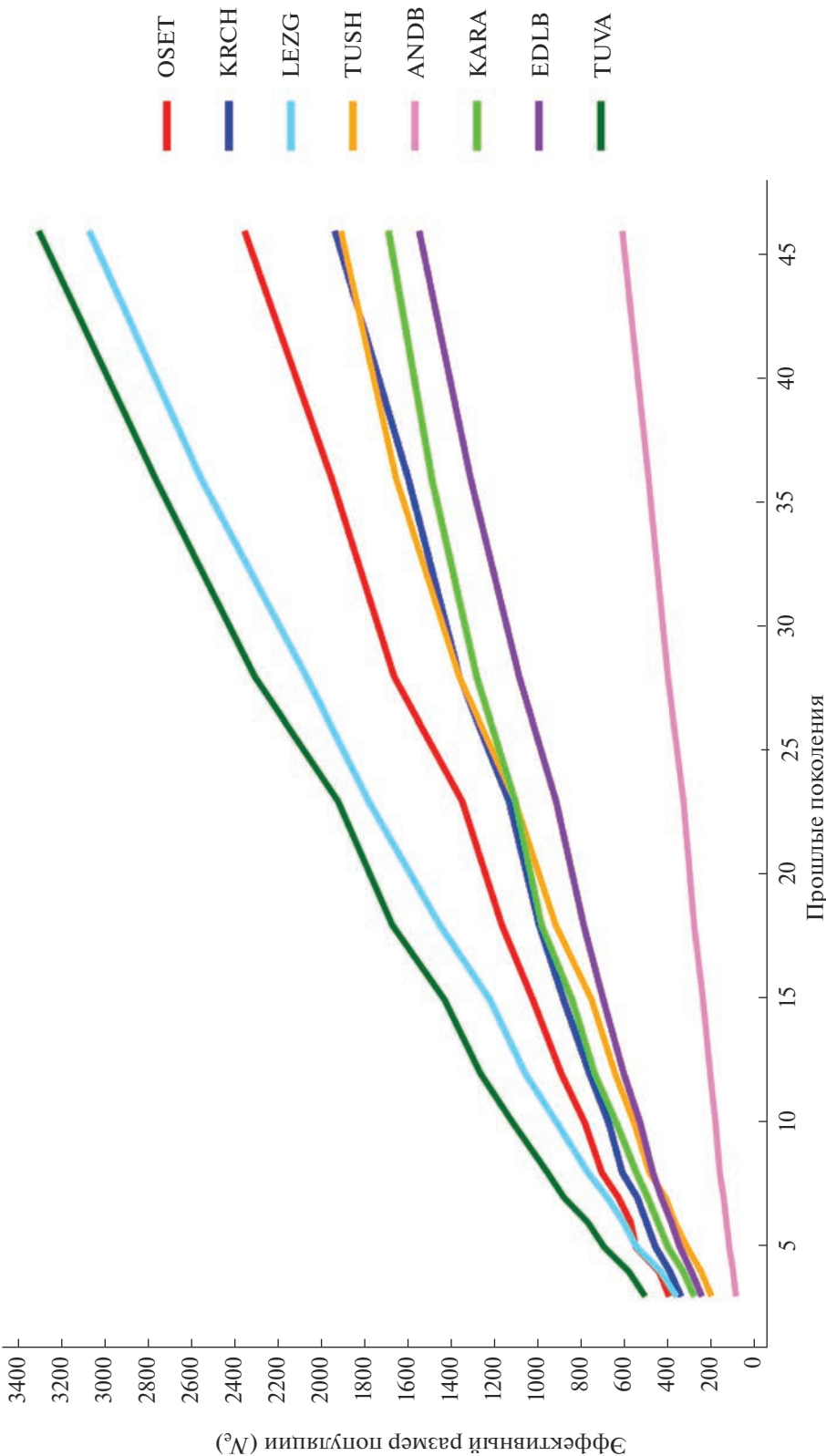


Рис. 1. Эффективный размер популяции, рассчитанный для 50 поколений назад (N_{e50}).

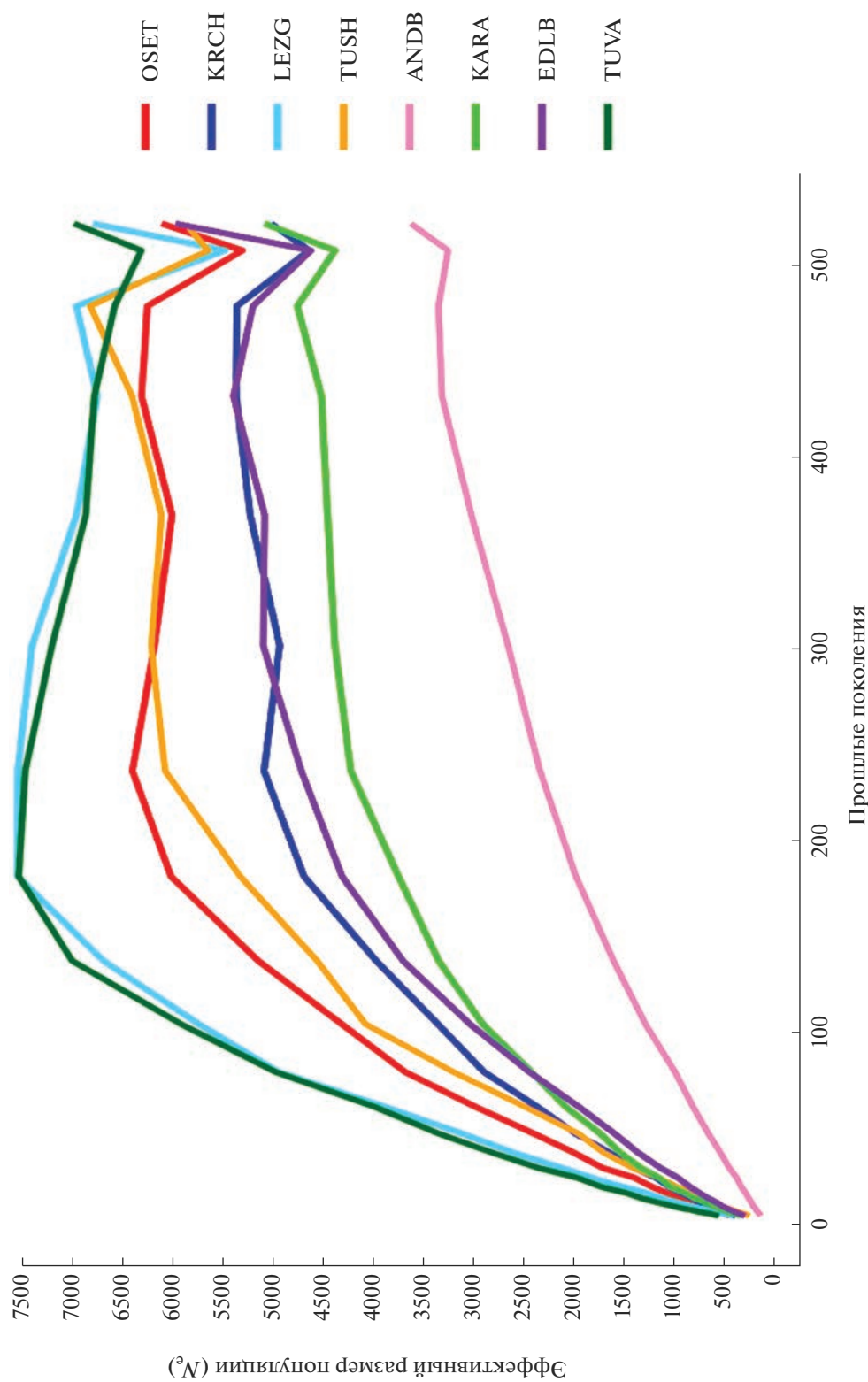


Рис. 2. Эффективный размер популяции, рассчитанный для 520 поколений назад (N_{e520}).

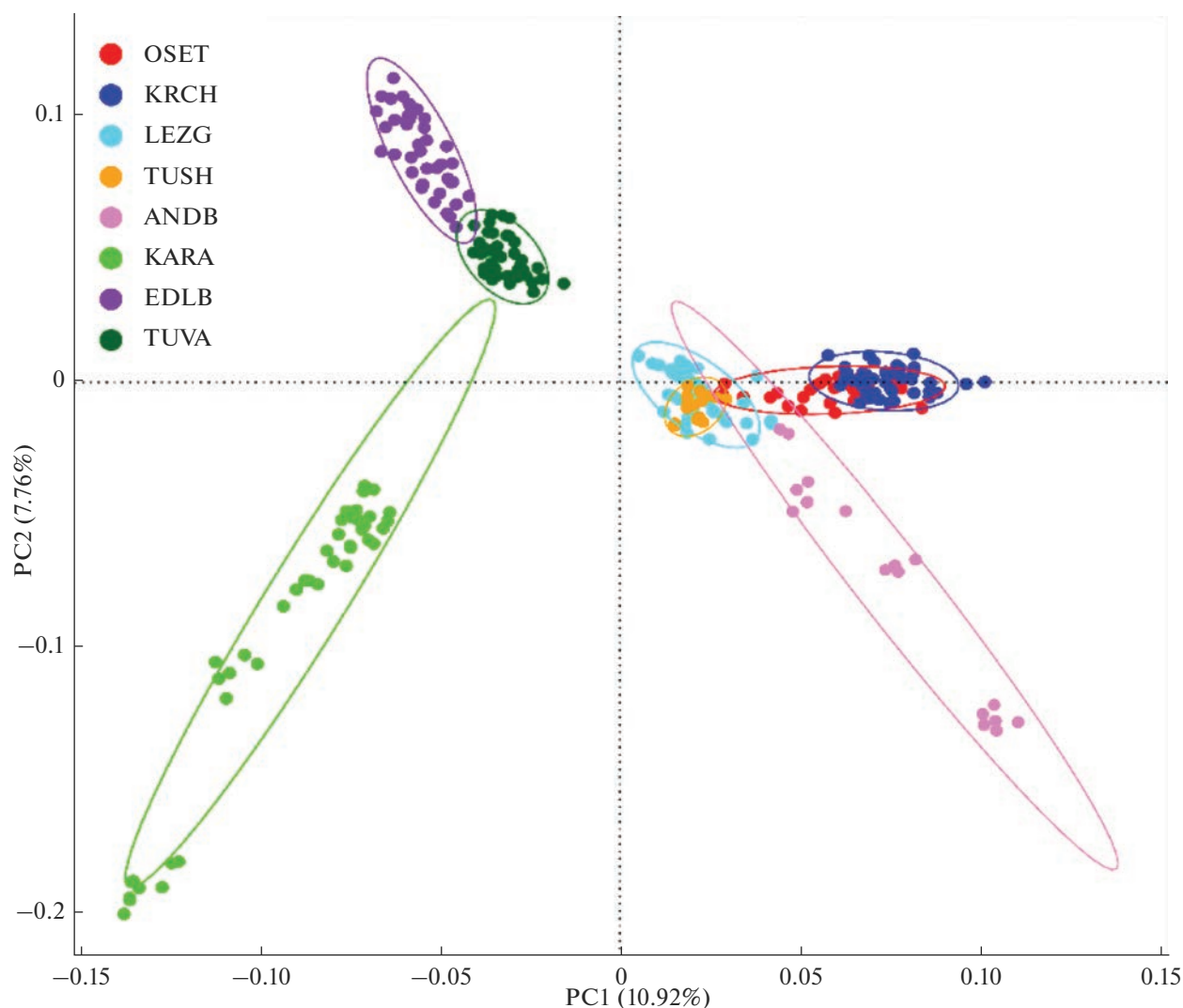


Рис. 3. Анализ главных компонент, проведенный для осетинской и других изучаемых грубошерстных пород овец (*Ovis aries*).

сети (рис. 5). Начиная с этого значения K , осетинская и карачаевская породы характеризовались большой схожестью популяционной структуры. С увеличением числа K лезгинская, тушинская и андийская породы заметнее обособляются от осетинской и карачаевской пород.

ОБСУЖДЕНИЕ

Аборигенные породы овец уникальны тем, что адаптированы к разведению в специфических, зачастую суровых условиях (например, разреженный воздух, скудные пастбища, сложный рельеф). Следует отметить, что условия горной местности не всегда равнозначны, поэтому в регионах разводят грубошерстные породы овец, приспособленные к конкретной местности. Так, андийская и лезгинская породы популярны в Республике Дагестан;

осетинская, тушинская и карачаевская породы наиболее распространены в Республике Северная Осетия-Алания; карачаевская порода — одна из часто встречающихся групп овец в республиках Карачаево-Черкесия и Кабардино-Балкария [4]. В связи с этим генетические ресурсы каждой аборигенной породы по-своему уникальны.

Генетические взаимосвязи осетинской породы с другими породами овец Северного Кавказа недостаточно изучены. Например, была предпринята попытка исследования межпородной дифференциации северокавказских грубошерстных овец — карачаевской, лезгинской, осетинской, тушинской и андийской пород [26]. На основании маркеров групп крови породы распределились по двум кластерам: кластер А, включающий тушинскую и осетинскую породы, и Б, сформированный из карачаевской, лезгинской, андийской и осетинской пород.

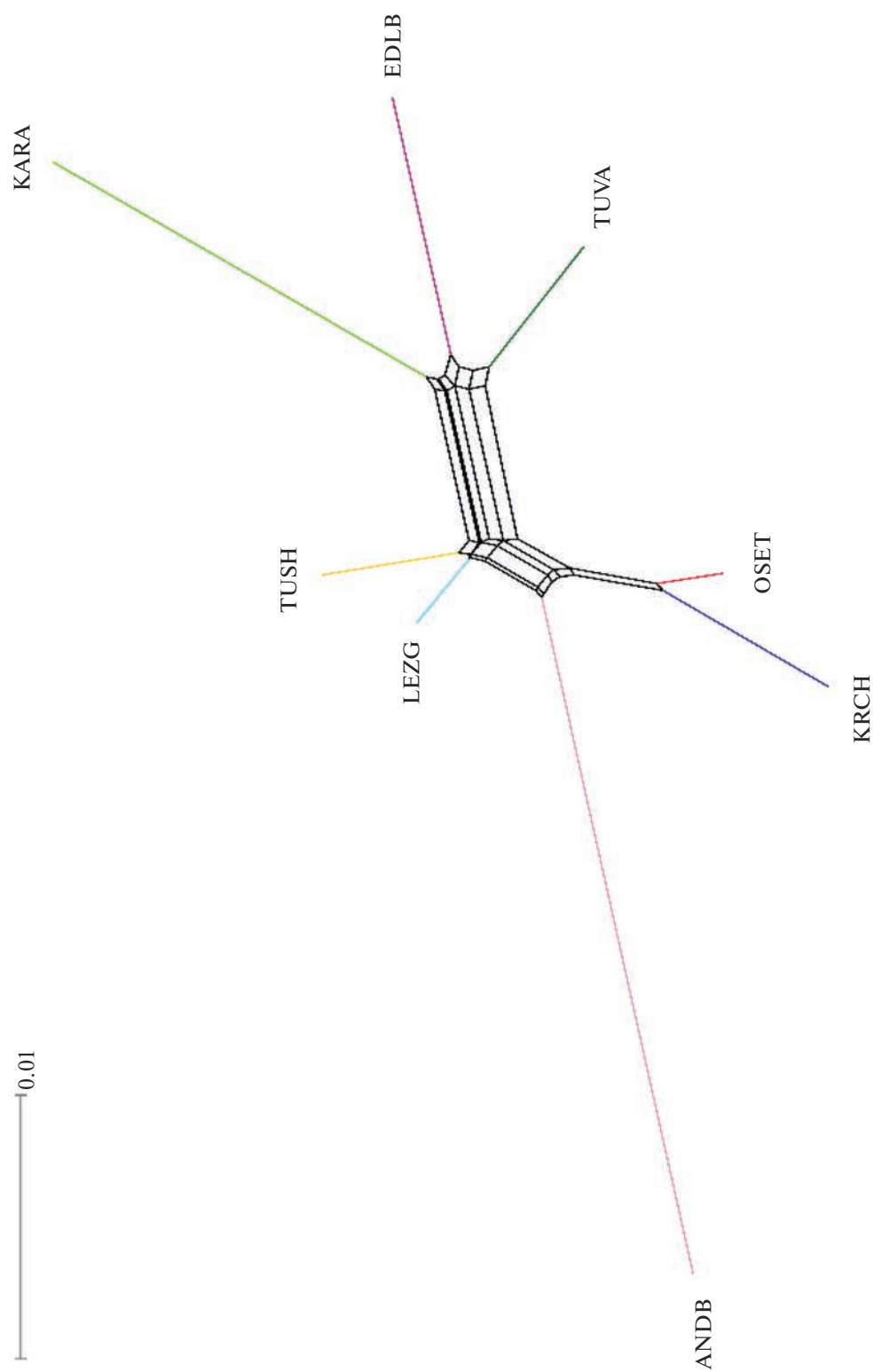


Рис. 4. Генетическая сеть, построенная для осетинской и других изучаемых грубошерстных пород овец (*Ovis aries*) на основе расчета попарных значений F_{st} .

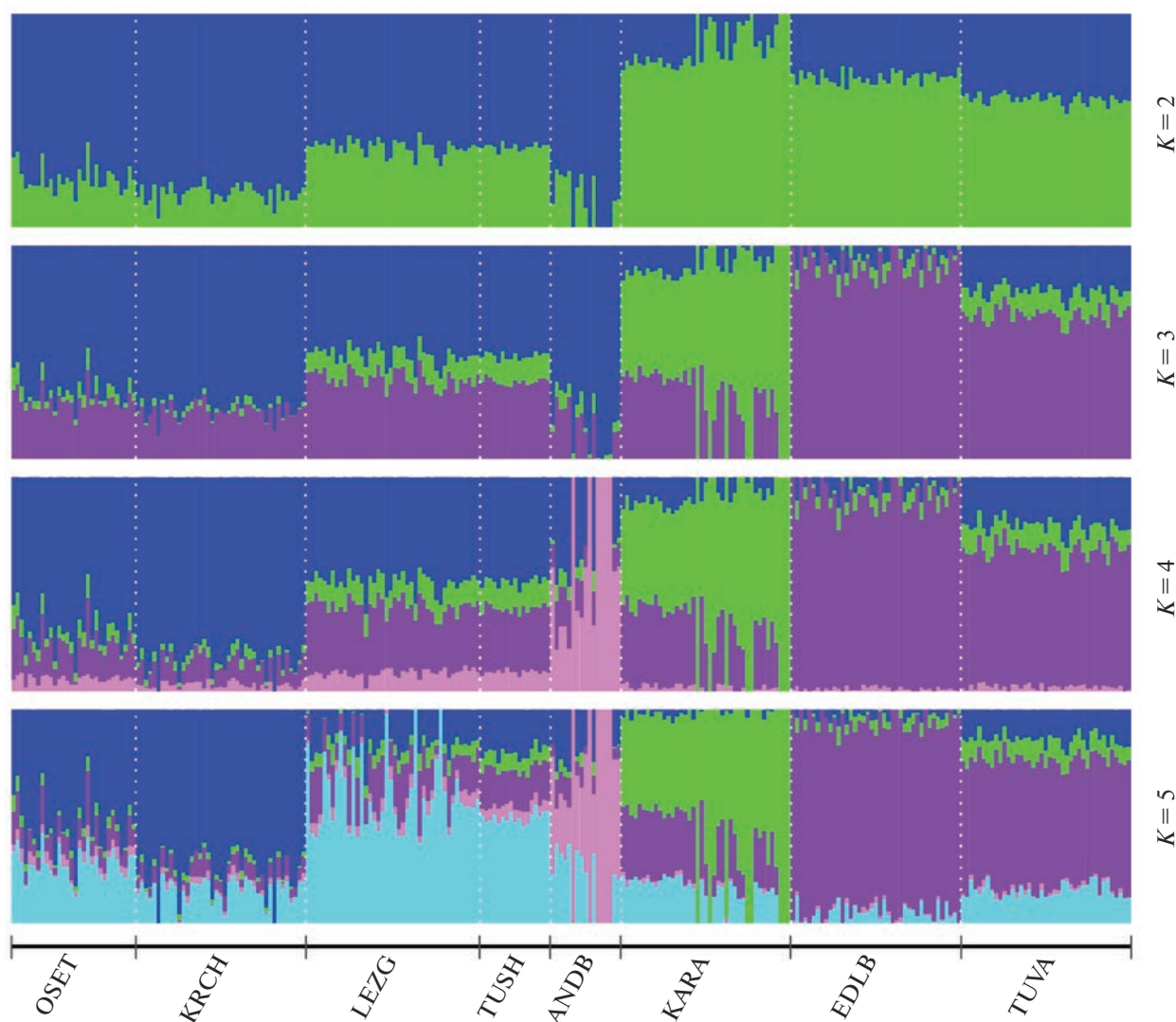


Рис. 5. Кластерный анализ, проведенный для осетинской и других изучаемых грубошерстных пород овец (*Ovis aries*), для вероятного числа предковых популяций (K) от 2 до 5.

рованный карачаевской, андийской и лезгинской породами. Наши результаты не поддерживают эти данные, так как белковые маркеры для проведения популяционных исследований характеризуются недостаточной разрешающей способностью.

Следует отметить, что SNP-профили осетинской породы были использованы в наших предыдущих исследованиях для проведения ряда специфических анализов. Так, ранее был изучен паттерн распространения сегментов гомозиготности в геномах российских пород овец, включая осетинскую [27]. В результате проведенного анализа вариации числа копий (CNV) в выборке овец осетинской породы были выявлены 337 регионов CNV [28]. В геномных регионах, перекрываю-

щихся с CNV, у осетинской породы были выявлены интересные гены, ассоциированные с адаптацией к гипоксии и мясными качествами, не идентифицированные в других российских породах, в том числе и в карачаевской. Эти экспериментальные данные еще раз подтверждают то, что уникальный генофонд осетинской породы необходимо поддерживать и совершенствовать.

В настоящей работе проведено изучение генетического разнообразия осетинской породы, а также изучена демографическая история породы на основе расчета современного и исторического эффективного размера популяции.

Несмотря на то что осетинская порода развивается в узком ареале, эта группа овец характеризуется довольно высокими значениями параметров,

характеризующих генетическое разнообразие. Так, значения ожидаемой гетерозиготности, рассчитанные для итальянских местных пород овец (H_e от 0.33 у альматураны до 0.37 у латичуда и соправиссаны) [7] и для валлийских пород овец (H_e от 0.306 у керри хил до 0.380 у баджер фейс) [8], были ниже рассчитанных в настоящей работе для осетинской породы. Аллельное разнообразие осетинской породы было выше по сравнению со значениями этого показателя у киргизских пород овец ($A_r = 1.992$ против A_r от 1.964 у алайской до 1.987 у айкольской пород) [9].

Современный эффективный размер популяции, рассчитанный для пяти поколений назад, также довольно высок у осетинской породы и был соизмерим со значениями, рассчитанными для других анализируемых пород в настоящей работе ($N_{e5} = 129-706$), а также для гиссарской и айкольской пород ($N_{e5} = 660$ и 563) [9] и для валлийских пород ($N_{e5} = 88-825$) [8].

Тенденция к снижению эффективного размера популяции с уменьшением числа поколений отмечена у многих пород овец. Так, максимальные значения эффективного размера популяции итальянских пород наблюдались между 50–60 или более 60 поколений назад [7]. Тем не менее значения N_{e50} для этих пород существенно ниже (224–657) по сравнению со значением аналогичного показателя у осетинской породы. Следует отметить, что пик эффективного размера популяции осетинской породы приходился более чем на 200 поколений назад (а именно на 235-е поколение назад). Подобная тенденция была отмечена в гиссарской породе [9]. Гиссарская порода, как и осетинская, характеризуется древним происхождением и разведением преимущественно по системе классического пасторализма, что, возможно, нашло отражение в паттернах изменения эффективного размера популяции.

Расчет попарных значений F_{st} , построение генетической сети и кластерный анализ показали близкие генетические взаимосвязи осетинской и карачаевской пород овец. Известно, что карачаевская порода была также издавна распространена в Осетии [6]. Высказываются предположения, что карачаевская порода – это одна из разновидностей осетинской породы [29]. Исследуемые выборки пород в настоящей работе недостаточны для подтверждения или опровержения этого предположения. Тем не менее можно дискутировать о том, что осетинская и карачаевская породы произошли от общей предковой группы овец или что происходит, с меньшей долей вероятности, неконтролируемое скрещивание этих пород.

Исследуя африканские магрибские породы овец, I. Belabdi et al. [10], основываясь на рассчитанном значении $F_{st} = 0.0024$, сделали вывод о генетической гомогенизации местных пород. В настоящем исследовании между породами, обитающими на территории Северного Кавказа (осетинская, карачаевская, лезгинская, тушинская), также детектированы невысокие значения дифференциации ($F_{st} =$ от 0.009 до 0.013), что дает основания предполагать о родственном происхождении этих пород.

Таким образом, осетинская порода овец характеризуется высоким уровнем генетического разнообразия и высоким значением современного эффективного размера популяции. Следует отметить, что несмотря на сравнительно небольшую численность осетинская порода не уступает другим грубошерстным, в частности северокавказским, породам по генетическому разнообразию. Вероятно, порода еще не находится в критическом состоянии и может быть успешно сохранена и улучшена для будущих поколений горцев с помощью программ консервации.

Финансирование проводилось за счет средств Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, грант № 075-15-2021-1037 (внутренний № 15. БРК.21.0001).

Полногеномные профили овец каракульской и эдильбаевской пород были получены при финансовой поддержке проекта РНФ № 21-46-00001.

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Калоев Б.А. Скотоводство народов Северного Кавказа: с древнейших времен до начала XX в. М.: Наука, 1993. 227 с.
2. Агузарова О.М. Из истории овцеводства Осетии // Современная наука: теоретический и практический взгляд. Материалы I Международной научно-практ. конф. ООО “НОУ “Вектор науки”. М.: Перо, 2014. С. 83–86.
3. Елканова Р.Э. Сравнительная характеристика мясной продуктивности овец грубошерстных пород // Вестник научных трудов молодых ученых, аспирантов, магистрантов и студентов ФГБОУ ВО “Горский государственный аграрный университет”. Владикавказ: Горский гос. аграрный ун-т, 2018. С. 127–128.

4. Гаджиев З.К., Велибеков Р.А., Мусалаев Х.Х. Состояние и перспективы развития грубошерстного овцеводства на юге России // Овцы, козы, шерстяное дело. 2013. № 2. С. 40–42.
5. Дунин И.М., Амерханов Х.А., Сафина Г.Ф. и др. Овцеводство России и его племенные ресурсы // Ежегодник по племенной работе в овцеводстве и козоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2018 г.). Лесные Поляны, 2019. С. 3–14.
6. Калоев Б.А. Осетины: историко-этнографическое исследование. М.: Наука, 2004. 472 с.
7. Ciani E., Crepaldi P., Nicoloso L. et al. Genome-wide analysis of Italian sheep diversity reveals a strong geographic pattern and cryptic relationships between breeds // Anim. Genet. 2014. V. 45. № 2. P. 256–266. <https://doi.org/10.1111/age.12106>
8. Beynon S.E., Slavov G.T., Farré M. et al. Population structure and history of the Welsh sheep breeds determined by whole genome genotyping // BMC Genet. 2015. № 16. P. 65. <https://doi.org/10.1186/s12863-015-0216-x>
9. Deniskova T., Dotsev A., Lushihina E. et al. Population structure and genetic diversity of sheep breeds in the Kyrgyzstan // Front. Genet. 2019. № 10. P. 1311. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.01311>
10. Belabdi I., Ouhrouch A., Lafri M. et al. Genetic homogenization of indigenous sheep breeds in Northwest Africa // Sci. Rep. 2019. V. 9. № 1. P. 7920. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44137-y>
11. Rochus C.M., Jonas E., Johansson A.M. Population structure of five native sheep breeds of Sweden estimated with high density SNP genotypes // BMC Genet. 2020. V. 21. № 1. P. 27. <https://doi.org/10.1186/s12863-020-0827-8>
12. Paim T.P., Paiva S.R., de Toledo N.M. et al. Origin and population structure of Brazilian hair sheep breeds // Anim. Genet. 2021. V. 52. № 4. P. 492–504. <https://doi.org/10.1111/age.13093>
13. Дунин И.М., Данкверт А.Г. Справочник пород и типов сельскохозяйственных животных, разводимых в Российской Федерации. М.: ВНИИплем, 2013. 500 с.
14. Kijas J.W., Porto-Neto L., Dominik S. et al. Linkage disequilibrium over short physical distances measured in sheep using a high-density SNP chip // Anim. Genet. 2014. V. 45. № 5. P. 754–757. <https://doi.org/10.1111/age.12197>
15. Keenan K., McGinnity P., Cross T.F. et al. DiveRsity: An R package for the estimation of population genetics parameters and their associated errors // Methods. Ecol. Evol. 2013. № 4. P. 782–788. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12067>
16. Barbato M., Orozco-terWengel P., Tapio M., Bruford M.W. SNeP: A tool to estimate trends in recent effective population size trajectories using genome-wide SNP data // Front. Genet. 2015. № 6. P. 109. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00109>
17. Corbin L.J., Liu A.Y., Bishop S.C., Woolliams J.A. Estimation of historical effective population size using linkage disequilibria with marker data // J. Anim. Breed. Genet. 2012. V. 129. № 4. P. 257–270. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2012.01003.x>
18. Sved J.A., Feldman M.W. Correlation and probability methods for one and two loci // Theor. Popul. Biol. 1973. V. 4. № 1. P. 129–132. [https://doi.org/10.1016/0040-5809\(73\)90008-7](https://doi.org/10.1016/0040-5809(73)90008-7)
19. Weir B.S., Cockerham C.C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure // Evolution. 1984. V. 38. № 6. P. 1358–1370. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1984.tb05657.x>
20. Pembleton L.W., Cogan N.O., Forster J.W. StAMPP: An R package for calculation of genetic differentiation and structure of mixed-ploidy level populations // Mol. Ecol. Resour. 2013. V. 13. № 5. P. 946–952. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12129>
21. Chang C.C., Chow C.C., Tellier L.C. et al. Second-generation PLINK: Rising to the challenge of larger and richer datasets // Gigascience. 2015. V. 4. P. 7. <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>
22. Wickham H. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. N. Y.: Springer-Verlag, 2009. 212 p.
23. Huson D.H., Bryant D. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies // Mol. Biol. Evol. 2006. V. 23. № 2. P. 254–267. <https://doi.org/10.1093/molbev/msj030>
24. Alexander D.H., Novembre J., Lange K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals // Genome. Res. 2009. V. 19. № 9. P. 1655–1664. <https://doi.org/10.1101/gr.094052.109>
25. Francis R.M. pophelper: An R package and web app to analyse and visualize population structure // Mol. Ecol. Resour. 2017. V. 17. № 1. P. 27–32. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12509>
26. Ольховская Л.В., Криворучко С.В. Межпородная дифференциация грубошерстных овец Северного Кавказа // Вестник Росс. акад. сельскохозяйственных наук. 2011. № 4. С. 63–65.
27. Deniskova T., Dotsev A., Selionova M. et al. Biodiversity of Russian local sheep breeds based on pattern of runs of homozygosity // Diversity. 2021. V. 13. № 8. P. 360. <https://doi.org/10.3390/d13080360>
28. Igoshin A.V., Deniskova T.E., Yurchenko A.A. et al. Copy number variants in genomes of local sheep breeds from Russia // Anim. Genet. 2022. V. 53. № 1. P. 119–132. <https://doi.org/10.1111/age.13163>
29. Рчеулишвили М.Д. К истории овцеводства Грузии. Тбилиси: Госиздат. ГССР, 1953. 220 с.

Study of Genetic Diversity and Population Structure of the Osetin Breed in Comparison with Other Coarse Wool Fat-Tailed Sheep Breeds Based on SNP Genotyping Data

T. E. Deniskova^{a, *}, A. V. Dotsev^a, M. I. Selionova^b, and N. A. Zinovieva^{a, **}

^a*Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Moscow oblast, pos. Dubrovitsy, 142132 Russia*

^b*Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow, 127434 Russia*

**e-mail: horarka@yandex.ru*

***e-mail: n_zinovieva@mail.ru*

For the first time, an analysis of the genetic diversity of the Osetin sheep breed was performed using genome-wide SNP profiles in a comparison with other Russian coarse wool breeds. We established that the Osetin breed has high genetic and allelic diversity indicators. For the first time, the recent and historical population effective sizes of the Osetin breed were calculated. Close genetic relationships between the Osetin and Karachay sheep breeds were shown, that is confirmed by the low value of differentiation ($F_{st} = 0.009$) and the formation of a joint cluster at the Neighbor Net graph. The similarity of the population structure of the Osetin and Karachay breeds was revealed as well.

Keywords: SNP, local breeds, domestic sheep, genetic diversity, effective population size.