

ГЕНЕТИКА, БИОТЕХНОЛОГИЯ, БИОХИМИЯ

Научная статья

УДК 636.082.3: 636.32

<https://doi.org/10.26897/2949-4710-2026-4-1-3-02>



**Маркерная оценка внутрискладного родства
и сигналов недавнего демографического сужения
у овец андийской породы по данным 12-локусной STR-панели**

Алимсолтан Ахмедович Оздемиров

Федеральный аграрный научный центр Республики Дагестан, Махачкала, Россия

Автор, ответственный за переписку: Алимсолтан Ахмедович Оздемиров,
alim72@mail.ru

Аннотация

В статье представлены маркерная оценка внутрискладного родства и диагностика признаков недавнего демографического сужения у овец андийской породы по данным 12-локусной STR-панели. Материалом исследования служили 40 овцематок андийской породы, генотипированных по 12 аутосомным STR-локусам. Средний FIS по панели составил 0.026. Для 780 уникальных попарных сравнений среднее значение r составило 0.305, медиана – 0.292, доля пар с $r \geq 0.25$ достигала 78.8%, а 58 пар находились в интервале 0.45-0.55. Агрегированное распределение частот аллелей имело L-образный профиль без смещения моды, средний M-ratio составил 0.730, медиана – 0.733, что не поддерживает гипотезу о недавнем сильном демографическом сужении. Полученные результаты указывают на заметную внутрискладную родственную связанность при отсутствии признаков недавнего резкого демографического сужения. Основные генетические риски для исследуемого стада, вероятно, связаны не с недавней демографической катастрофой, а с семейственной структурой и ограниченным использованием производителей. Практическая значимость работы заключается в обосновании необходимости регулярного маркерного мониторинга родственных связей при сохранении и племенном использовании овец андийской породы.

Ключевые слова

Андийская порода овец, STR-маркеры, внутрискладное родство, коэффициент родства r , FIS, демографическое сужение, индекс Гарзы-Уильямсона, смещение моды, генетические ресурсы животных

Для цитирования

Оздемиров А.А. Маркерная оценка внутрискладного родства и сигналов недавнего демографического сужения у овец андийской породы по данным 12-локусной STR-панели. *Тимирязевский биологический журнал*. 2026;4(1):302. <https://doi.org/10.26897/2949-4710-2026-4-1-3-02>

GENETICS, BIOTECHNOLOGY, BIOCHEMISTRY

Original article

<https://doi.org/10.26897/2949-4710-2026-4-1-3-02>



**Marker-based assessment of intra-flock relatedness and signals
of recent demographic bottleneck in Andi sheep using a 12-Locus STR panel**

Alimsoltan A. Ozdemirov

Federal Agrarian Scientific Center of the Republic of Dagestan, Makhachkala, Russia

Corresponding author: Alimsoltan A. Ozdemirov, alim72@mail.ru

Abstract

The study presents a marker-based assessment of intra-flock relatedness and diagnostics of recent demographic bottleneck signs in Andi sheep using data from a 12-locus STR panel. The research material consisted of 40 Andi ewes genotyped across 12 autosomal STR loci. The mean panel-wide FIS was 0.026. For 780 unique pairwise comparisons the mean r value was 0.305, the median value was 0.292, the proportion of pairs with $r \geq 0.25$ reached 78.8%, and 58 pairs fell within the range

of 0.45-0.55. The aggregated allele-frequency distribution showed an L-shaped profile without mode shift. The mean M-ratio was 0.730, with a median of 0.733, which does not support the hypothesis of a recent severe demographic bottleneck. The results indicate significant intra-flock relatedness in the absence of recent sharp demographic bottleneck signs. The main genetic risks for the studied flock are likely associated not with recent demographic collapse but with family structure and limited use of breeding rams. The practical significance of the study lies in substantiating the need for regular marker-based monitoring of relatedness when preserving and breeding Andi sheep.

Keywords

Andi sheep; STR markers; intra-flock relatedness; relatedness coefficient r ; FIS; demographic bottleneck; M-ratio; mode shift; animal genetic resources

For citation

Ozdemirov A.A. Marker-based assessment of intra-flock relatedness and signals of recent demographic bottleneck in Andi sheep using a 12-Locus STR panel. *Timiryazev Biological Journal*. 2026;4(1):302. <https://doi.org/10.26897/2949-4710-2026-4-1-3-02>

Введение

Introduction

Сохранение локальных пород сельскохозяйственных животных относится к числу приоритетных задач современного управления генетическими ресурсами. Локальные популяции поддерживают адаптацию к специфическим природно-климатическим условиям, повышают устойчивость производственных систем и сохраняют вариабельность, необходимую для долгосрочного развития животноводства [1, 2]. В этой связи оценка генетического состояния малочисленных стад рассматривается не только как академическая задача, но и как практический инструмент сохранения породы.

Для территориально ограниченных и небольших по численности популяций формальный племенной учет и фенотипическая характеристика часто оказываются недостаточными. Накопление родственных связей, скрытый инбридинг и сужение аллельного спектра могут развиваться постепенно и в течение длительного времени не проявляться на уровне внешних признаков. Именно поэтому молекулярно-генетические методы остаются важным компонентом мониторинга локальных пород и позволяют количественно описывать как генетическое разнообразие, так и внутривидовую связанность [1-3]. Микросателлитные маркеры (STR) сохраняют практическую ценность для популяционно-генетических исследований малых стад благодаря кодоминантному наследованию, высокой полиморфности и сравнительно умеренным требованиям к инфраструктуре генотипирования. Ранние работы показали высокий потенциал микросателлитов для сравнения популяций сельскохозяйственных животных и для классификации особей по степени родства [3-5]. В дальнейшем было показано, что корректность таких оценок существенно зависит от контроля нулевых аллелей, возможных генотипических артефактов и используемых аналитических процедур [6-8].

Не менее важным направлением применения STR-панелей является диагностика недавнего

демографического сужения. Для этой цели широко используются подходы, основанные на анализе гетерозиготного избытка, спектра частот аллелей и индекса Гарзы-Уильямсона, позволяющие выявлять сигналы демографического сужения (bottleneck) даже в относительно небольших выборках [9-11]. Совместная интерпретация показателей родства и результатов диагностики демографического сужения особенно важна для локальных стад, где повышенная внутривидовая связанность не всегда означает недавний демографический коллапс.

Практическая пригодность STR-маркеров для молекулярной характеристики локальных пород подтверждена в региональных исследованиях последних лет. Такие панели успешно использовались для оценки генетического разнообразия и структуры локальных пород КРС и овец включая дагестанский горный скот, местные овечьи популяции Черногории, Болгарии и Карпатского региона, а также ряд аборигенных популяций других стран [12-16]. На этом фоне андийская порода овец представляет интерес как локальный генетический ресурс, для которого особенно актуальна оценка внутривидового родства и признаков недавнего демографического сужения.

Цель исследований: маркерная оценка внутривидовой родственной структуры и признаков недавнего демографического «узкого места» у овец андийской породы по данным 12-локусной STR-панели.

Особое внимание было уделено совместной интерпретации показателей родства и результатов диагностики демографического сужения как основе для последующих выводов о генетическом состоянии стада и его сохранении.

Методика исследований

Research methods

Исследования выполнены на овцах андийской породы, содержащихся в племенном КФХ «Ухо», Гумбетовский район, Республика

Дагестан, Россия. В анализ включили 40 овцематок, для которых были получены индивидуальные STR-профили. Генотипирование проводили по 12 аутосомным локусам: CSRD247, ETH152, INRA005, INRA006, INRA023, INRA063, INRA172, MAF065, MAF214, McM042, McM527 и OarFCB20. Для генотипирования использовали коммерческий набор Gene Profile Sheep (ООО «Синтол», Россия), включающий в себя 12 аутосомных STR-локусов и локус амелогенина. В настоящей работе аутосомные локусы использовали для популяционно-генетического анализа, тогда как локус амелогенина применяли только для контроля соответствия генетического и документированного пола и в последующие расчеты не включали. Амплификацию выполняли методом мультиплексной ПЦР в термоциклере C1000 Touch (Bio-Rad, США) по протоколу производителя. Размеры амплифицированных фрагментов определяли методом капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе НАНОФОР-05 (ООО «Синтол», Россия) с использованием внутреннего стандарта длины. Первичную обработку электрофореграмм, идентификацию пиков и определение размеров аллелей проводили в программе GeneMarker (SoftGenetics, США). Результаты автоматического аллельного вызова дополнительно проверяли визуально и при необходимости корректировали с учетом качества сигнала и формы пиков. Итоговые генотипы экспортировали в табличный формат, в котором каждой особи соответствовала одна строка, а каждому локусу – два аллельных столбца.

Подготовка данных включала в себя унификацию структуры генотипов и контроль пропусков. Пустые ячейки, технические обозначения пропусков и некорректные сигналы трактовали как отсутствующие значения (NA). Для каждого локуса и каждой особи оценивали долю пропусков; локусы с неприемлемой missingness или выраженными признаками артефактов типирования подлежали бы исключению. В фактическом рабочем наборе все 12 аутосомных STR-локусов обеспечили приемлемое качество типирования и были сохранены в анализе.

Для проверки возможных ошибок генотипирования использовали программу Micro-Checker. Дополнительно учитывали характер электрофоретических профилей, что позволяло контролировать возможное влияние артефактов стуттера (stutter-артефактов), нулевых аллелей и выпадения крупных аллелей. Таким образом, контроль качества включал в себя как формальные программные процедуры, так и экспертную проверку интерпретации аллельных сигналов.

Для характеристики маркерного инбридинга рассчитывали локусные значения FIS с последующим усреднением по панели. Этот показатель

использовали как интегральную оценку дефицита или избытка гетерозигот в исследуемой выборке. Межиндивидуальное генетическое родство оценивали с использованием подхода, основанного на доле общих аллелей (allele-sharing). Для каждой пары животных и каждого локуса сравнивали состав аллелей: вклад принимал значение 0 при полном совпадении генотипов, 0.5 – при совпадении одного аллеля, 1 – при отсутствии общих аллелей. Полученные локусные расстояния усредняли по всем локусам, валидно типированным у обеих особей, после чего рассчитывали операциональный коэффициент родства как $r = 1 - D$, где D – среднее allele-sharing-расстояние. Итоговые значения r сводили в полную матрицу 40×40 . Для описания распределения использовали среднее, медиану, минимум, максимум, долю пар с $r \geq 0.25$, а также число пар в интервале 0.45-0.55. Коэффициент FIS использовали для интегральной характеристики дефицита или избытка гетерозигот в выборке в целом, тогда как коэффициент r применяли для оценки попарной генетической связанности между конкретными животными. Признаки недавнего демографического сужения оценивали двумя взаимодополняющими подходами.

Первый подход основывался на анализе смещения моды распределения частот аллелей (mode-shift): частоты всех наблюдаемых аллелей агрегировали по локусам и распределяли по классам шириной 0.1 (0-0.1, 0.1-0.2 и т.д.). L-образная форма распределения с максимумом в первом частотном классе трактовалась как отсутствие признаков недавнего демографического сужения, тогда как смещение моды к промежуточным частотам рассматривали как возможный демографический сигнал.

Второй подход включал в себя расчет индекса Гарзы-Уильямсона (M-ratio) для каждого локуса по формуле $M = Na/(R + 1)$, где Na – число различных аллелей, а R – диапазон аллельных размеров в шагах повтора. Длину мотива определяли как наибольший общий делитель попарных различий размеров аллелей. В качестве интегральных характеристик панели использовали среднее и медиану M-ratio. Для повышения корректности интерпретации результатов диагностики недавнего демографического сужения параметры двухфазной мутационной модели (TPM, two-phase mutation model) калибровали эмпирически по наблюдаемым различиям размеров аллелей у гетерозигот. Для каждого локуса оценивали распределение межаллельных шагов, после чего определяли долю одношаговых различий (p_s) и дисперсию шага (σ^2) в единицах мотива. Такой подход позволял интерпретировать результаты анализа смещения моды и M-ratio с учетом фактического мутационного режима использованной STR-панели. Визуализацию

распределения попарных значений g и спектра смещения моды выполняли в среде Python. Итоговые таблицы и рисунки формировали на основе рабочего набора, включавшего в себя 40 животных и 12 аутосомных STR-локусов, прошедших контроль качества.

Результаты и их обсуждение Results and discussion

Контроль качества генотипирования и аналитическая надежность. Перед интерпретацией маркерного родства и показателей, используемых для диагностики недавнего демографического

сужения, была оценена техническая надежность массива STR-генотипов. В итоговый рабочий набор вошли 40 овцематок андийской породы, типированных по 12 аутосомным STR-локусам. По всем локусам число валидных генотипов оставалось высоким и варьировало в пределах 39-40, тогда как доля пропусков была низкой: от 0.0 до 2.5% при среднем значении 0.2%. Животных с выражено повышенной долей пропусков не выявлено, поэтому все 40 образцов были сохранены в дальнейшем анализе.

Сводные показатели полноты STR-типирования и результатов первичного контроля качества представлены в таблице 1.

Таблица 1. Сводные показатели качества STR-генотипирования и аналитической надежности панели у овец андийской породы.

Table 1. Summary of STR genotyping quality and analytical reliability indicators for the Andi sheep panel.

Показатель <i>Indicator</i>	Значение <i>Value</i>
Число животных в рабочем наборе <i>Number of animals in the working set</i>	40
Число STR-локусов <i>Number of STR loci</i>	12
Диапазон валидных генотипов по локусам (N) <i>Range of valid genotypes per locus (N)</i>	39-40
Минимальная доля пропусков по локусу, % <i>Minimum missing rate per locus, %</i>	0.0
Максимальная доля пропусков по локусу, % <i>Maximum missing rate per locus, %</i>	2.5
Средняя доля пропусков по локусам, % <i>Average missing rate per locus, %</i>	0.2
Образцы с выражено повышенной долей пропусков <i>Samples with a significantly elevated missing rate</i>	Не выявлены <i>Not detected</i>
Критичные сигналы нулевых аллелей (Micro-Checker) <i>Critical signals of null alleles (Micro-Checker)</i>	Не выявлены <i>Not detected</i>
Выраженные артефакты стуттера <i>Pronounced stutter artifacts</i>	Не выявлены <i>Not detected</i>
Признаки выпадения крупных аллелей <i>Signs of large allele dropout</i>	Не выявлены <i>Not detected</i>
Число локусов, исключенных после QC <i>Number of loci excluded after QC</i>	0
Локусы, сохраненные в финальном анализе <i>Loci retained in the final analysis</i>	12

Таким образом, рабочий набор STR-генотипов характеризовался высокой полнотой типирования и удовлетворительной аналитической согласованностью: критичных сигналов нулевых аллелей, выраженных артефактов стуттера и выпадения крупных аллелей не обнаружено, а все 12 локусов были сохранены в анализе. Это позволяет рассматривать последующие оценки маркерного родства и показатели, примененные для диагностики недавнего демографического сужения, как основанные на технически пригодном массиве данных.

Маркерная оценка родственной структуры стада. Для количественной характеристики внутростадной родственной структуры, помимо локусных коэффициентов инбридинга FIS, были рассчитаны попарные коэффициенты генетического родства r между всеми животными выборки. Оценка выполнялась на основе подхода, основанного на доле общих аллелей (allele sharing), по 12 STR-локусам, что позволило одновременно охарактеризовать интегральный уровень маркерного инбридинга в стаде и степень генетической связанности между отдельными особями. В агрегированном виде панель имела низкий средний уровень инбридинга (FIS = 0.026), тогда как распределение r указывало на умеренно

повышенную внутростадную родственную связанность.

Сводные показатели маркерного инбридинга и межиндивидуального родства в исследуемой выборке представлены в таблице 2.

В агрегированном виде STR-панель указывает на сочетание низкого среднего маркерного инбридинга и заметной внутростадной родственной связанности. При среднем $r = 0.305$ и доле пар с $r \geq 0.25$, равной 78.8%, стадо можно охарактеризовать как генетически связанное, но без признаков резко выраженного панельного инбридинга. Таким образом, FIS характеризовал общий уровень панельного инбридинга в исследуемой выборке, тогда как распределение r отражало структуру межиндивидуального родства внутри стада.

Распределение попарных коэффициентов генетического родства в исследуемой выборке представлено на рисунке 1.

Распределение r было смещено в область умеренно повышенных значений: среднее составило 0.305, медиана – 0.292, а 78.8% всех пар имели $r \geq 0.25$. При этом 58 пар находились в интервале 0.45-0.55, что указывает на наличие в стаде заметной доли тесно связанных животных, но без преобладания экстремально высоких значений родства.

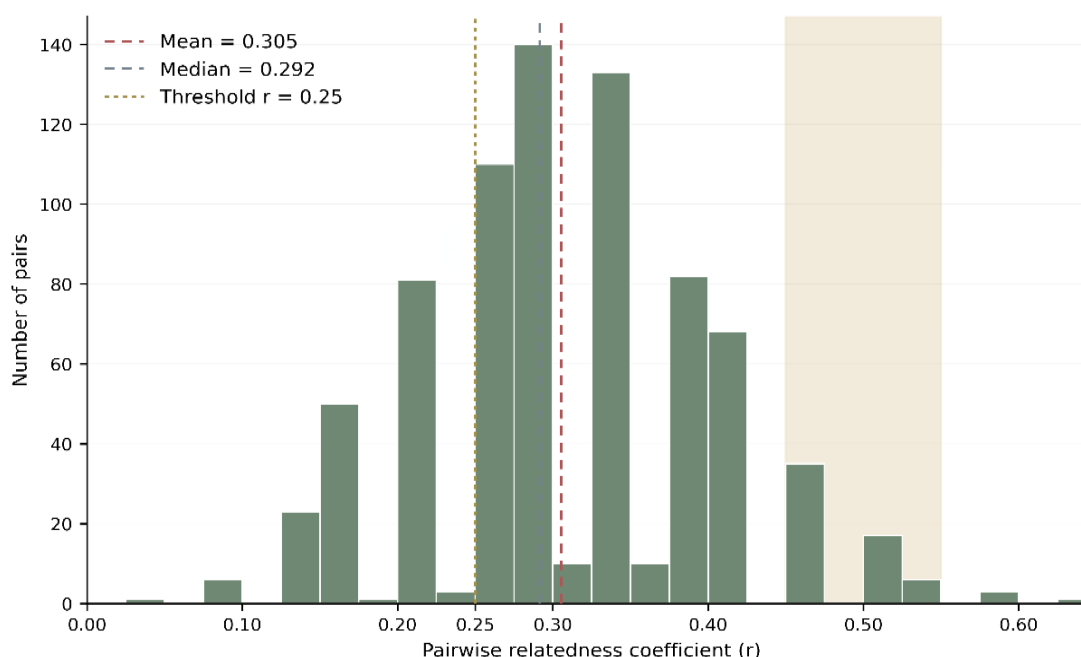


Рисунок 1. Распределение попарных коэффициентов генетического родства (r) у овец андийской породы по данным 12-локусной STR-панели. Вертикальные пунктирные линии соответствуют среднему и медианному значениям r ; r – попарный коэффициент генетического родства; линия при $r = 0.25$ показывает порог умеренно повышенного родства. Заштрихованная область 0.45-0.55 соответствует интервалу повышенного родства.

Figure 1. Distribution of pairwise genetic relatedness coefficients (r) in Andi sheep based on a 12-locus STR panel. The vertical dashed lines indicate the mean and median r values; r is the pairwise genetic relatedness coefficient; the line at $r = 0.25$ indicates the threshold for moderately elevated relatedness. The shaded region from 0.45 to 0.55 corresponds to the interval of elevated relatedness.

Таблица 2. Сводные показатели маркерного инбридинга и межиндивидуального родства у овец андийской породы по 12-локусной STR-панели.

Table 2. Summary of marker inbreeding and interindividual relatedness indicators in Andi sheep based on the 12-locus STR panel.

Показатель <i>Indicator</i>	Значение <i>Value</i>
Число животных (n) <i>Number of animals (n)</i>	40
Число STR-локусов <i>Number of STR loci</i>	12
Число попарных сравнений (i<j) <i>Number of pairwise comparisons (i<j)</i>	780
Средний FIS по панели <i>Average FIS across the panel</i>	0.026
Диапазон локусных значений FIS <i>Range of locus-specific FIS values</i>	–0.200 до 0.224
Средний коэффициент родства r <i>Average relatedness coefficient r</i>	0.305
Медиана коэффициента родства r <i>Median relatedness coefficient r</i>	0.292
Минимальное значение r <i>Minimum r value</i>	0.042
Максимальное значение r <i>Maximum r value</i>	0.625
Доля пар с $r \geq 0,25$, % <i>Proportion of pairs with $r \geq 0.25$, %</i>	78.8
Число пар с r в интервале 0.45-0.55 <i>Number of pairs with r in the range 0.45-0.55</i>	58
Доля пар с r в интервале 0.45-0.55, % <i>Proportion of pairs with r in the range 0.45-0.55, %</i>	7.4
Совпадающие многолокусные STR-профили <i>Identical multi-locus STR profiles</i>	Не выявлены <i>Not detected</i>

Примечание. FIS – коэффициент внутривнутрипопуляционного инбридинга, r – попарный коэффициент генетического родства, i < j – число уникальных попарных сравнений.

Note: FIS is the intrapopulation inbreeding coefficient, r is the pairwise genetic relatedness coefficient, and i < j is the number of unique pairwise comparisons.

Диагностика недавнего демографического «узкого места» по STR-панели. Для оценки наличия или отсутствия признаков недавнего демографического сужения в исследуемой выборке были использованы 2 взаимодополняющих подхода: анализ формы суммарного распределения частот аллелей (mode-shift) и индекс Гарзы-Уильямсона M-ratio. Дополнительно параметры двухфазной мутационной модели (p_s , σ^2) были калиброваны эмпирически по межаллельным различиям у гетерозигот, что позволило интерпретировать результаты диагностики демографического сужения с учетом фактического мутационного режима использованной 12-локусной STR-панели.

Сводные индикаторы недавнего демографического сужения и параметры эмпирически калиброванной двухфазной мутационной модели (TPM) представлены в таблице 3.

Совокупность полученных показателей не поддерживает гипотезу о недавнем выраженном демографическом сужении в исследуемом стаде. L-образная форма распределения без смещения моды и интегральные значения M-ratio на уровне около 0.73 соответствуют сценарию без резкого недавнего обеднения аллельного спектра.

Форма агрегированного распределения частот аллелей, использованная для визуальной оценки смещения моды (mode-shift), представлена на рисунке 2.

Распределение имело L-образный профиль с преобладанием аллелей низкой частоты и без смещения моды в область промежуточных частот. Такой характер распределения не указывает на недавнее сильное обеднение аллельного спектра в исследуемом стаде.

Таблица 3. Сводные индикаторы недавнего демографического сужения по STR-панели у овец андийской породы.

Table 3. Summary indicators of recent demographic bottleneck in the STR panel in Andi sheep.

Показатель <i>Indicator</i>	Значение <i>Value</i>
Число животных (n) <i>Number of animals (n)</i>	40
Число STR-локусов <i>Number of STR loci</i>	12
Смещение моды (пул частот аллелей) <i>Mode shift (pool of allele frequencies)</i>	<i>L-образная форма (смещения моды не выявлено)</i> <i>L-shaped (no mode shift detected)</i>
p_s (доля одношаговых различий) p_s (proportion of single-step differences)	0.213
σ^2 (дисперсия шагов, все гетерозиготы) σ^2 (step variance, all heterozygotes)	14.09
σ^2 (только многократные шаги ≥ 2) σ^2 (only multiple steps ≥ 2)	24.66
Среднее M-ratio по панели <i>Mean M-ratio across the panel</i>	0.730
Медиана M-ratio <i>Median M-ratio</i>	0.733

Примечание. p_s – доля одношаговых различий, σ^2 – дисперсия межаллельных шагов, M-ratio – индекс Гарзы-Уильямсона. Анализ смещения моды (mode shift) оценивали по агрегированному распределению частот аллелей с шириной класса 0.1.

Note: p_s is the proportion of single-step differences, σ^2 is the inter-allelic step variance, and M-ratio is the Garza-Williamson index. Mode shift analysis was estimated using the aggregated allele frequency distribution with a class width of 0.1.

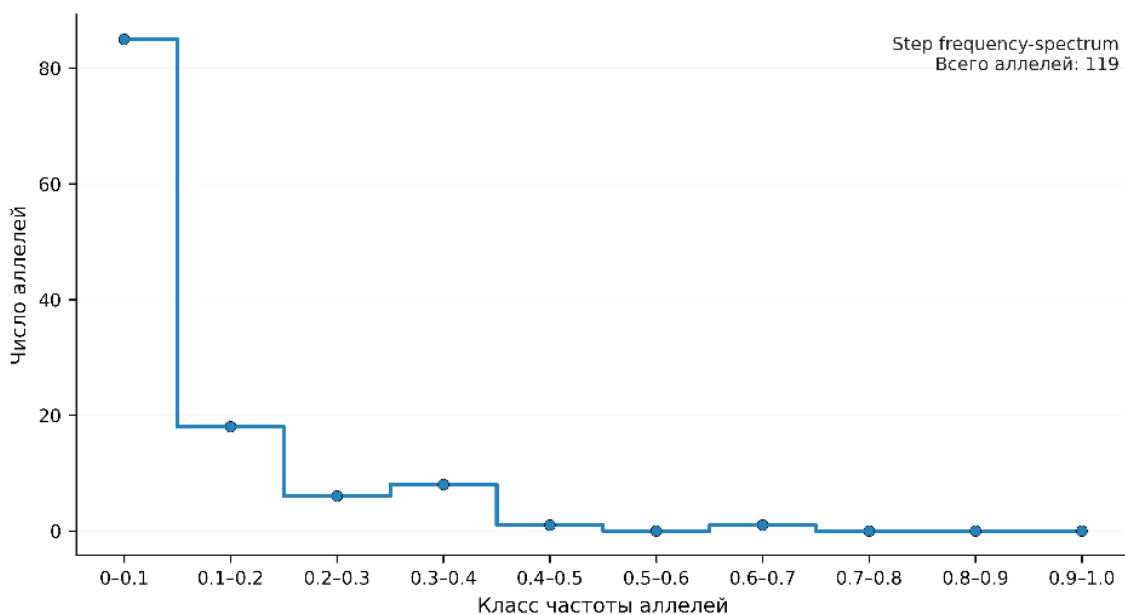


Рисунок 2. Распределение наблюдаемых аллелей по классам частоты для оценки смещения моды (mode shift) у овец андийской породы по данным 12-локусной STR-панели. Ступенчатая диаграмма отражает агрегированное распределение частот по всем 12 STR-локусам. Первый частотный класс соответствует редким аллелям.

Figure 2. Distribution of observed alleles by frequency classes for mode-shift assessment in Andi sheep based on a 12-locus STR panel. The step chart shows the aggregated allele frequency distribution across all 12 STR loci. The first frequency class corresponds to rare alleles.

Обсуждение. Полученные результаты показывают, что использованная 12-локусная STR-панель обеспечивает технически пригодную основу для интерпретации генетического состояния исследуемого стада овец андийской породы. Низкая доля пропусков, отсутствие критичных сигналов нулевых аллелей, выраженных stutter-артефактов и выпадения крупных аллелей, а также сохранение всех 12 локусов в итоговом анализе указывают на удовлетворительную аналитическую согласованность массива. Это особенно важно в контексте задач настоящей работы, поскольку оценки родства и показатели, применяемые для диагностики недавнего bottleneck, чувствительны к качеству исходного генотипирования и при выраженных технических искажениях могли бы смещаться в сторону ложной интерпретации. При этом сами результаты по внутростадной структуре заслуживают отдельного внимания.

Несмотря на низкий средний панельный уровень маркерного инбридинга ($FIS = 0.026$), распределение попарных коэффициентов родства свидетельствует о заметной генетической связанности животных внутри стада. Среднее значение $r = 0.305$, медиана 0.292, высокая доля пар с $r \geq 0.25$, а также наличие группы сравнений в интервале 0.45-0.55 указывают на то, что исследуемая выборка не является генетически разреженной. Иными словами, в стаде присутствует

выраженная семейственная компонента, однако она не сопровождается резким ростом интегрального панельного инбридинга. Такое сочетание представляется биологически правдоподобным для локальной популяции, поддерживаемой в условиях ограниченной племенной базы и повторного использования относительно узкого круга производителей. В подобных системах родственные связи между животными могут накапливаться постепенно и формировать заметную связанность внутри стада даже без явного перехода к состоянию резко выраженного системного инбридинга.

Диагностика недавнего демографического сужения дополняет эту картину и в известной степени уточняет ее. L-образный характер агрегированного распределения без смещения моды в область промежуточных частот, а также интегральные значения M-ratio на уровне около 0.73 не поддерживают гипотезу о недавнем выраженном демографическом сужении. Это не означает, что популяция никогда не испытывала демографических ограничений или что она полностью защищена от дальнейшего сокращения генетического разнообразия; однако имеющийся STR-профиль не имеет признаков недавнего резкого обеднения аллельного спектра. В сочетании с эмпирически калиброванными параметрами двухфазной мутационной модели такой результат выглядит внутренне

согласованным и указывает скорее на отсутствие недавнего катастрофического сценария, чем на его подтверждение.

Наиболее содержательный вывод возникает именно при совместной интерпретации показателей внутристадного родства и признаков недавнего демографического сужения. Если бы повышенная внутристадная связанность была следствием недавнего резкого демографического обвала, можно было бы ожидать более выраженного сигнала в анализах, основанных на спектре частот аллелей и M-ratio. Однако такого сигнала не обнаружено. Следовательно, более вероятным объяснением является не недавняя демографическая катастрофа, а структурная особенность самого стада: ограниченное число репродуктивно активных линий, семейственная организация выборки и постепенное накопление родственных связей в пределах локальной популяции. В этом смысле выявленное генетическое состояние можно охарактеризовать как сочетание умеренно повышенного внутристадного родства с отсутствием признаков недавнего выраженного демографического сужения.

С практической точки зрения это различие является принципиальным. Если основной риск для популяции связан не с острым недавним сужением, а с накоплением родства в условиях ограниченного воспроизводственного контура, то и меры управления должны быть направлены прежде всего на контроль структуры спариваний, расширение круга используемых производителей и регулярный мониторинг родственных связей. Для локальных пород, сохраняемых в ограниченных стадах, такие меры часто оказываются более эффективными, чем попытка интерпретировать текущее состояние исключительно через призму единичного bottleneck-события.

Вместе с тем полученные результаты следует рассматривать с учетом масштаба и природы использованной маркерной системы. STR-панель из 12 локусов остается полезным и практичным инструментом для оценки внутристадной структуры, идентификации тесного родства и первичной диагностики демографических сигналов, однако ее разрешающая способность ниже, чем у плотных SNP-наборов. Поэтому выводы настоящих исследований более корректно трактовать как устойчивую маркерную характеристику исследуемого стада, а не как исчерпывающее описание всей геномной архитектуры популяции. Тем не менее даже в этих рамках результаты выглядят достаточно согласованными: они не указывают на недавнее сильное демографическое сужение, но фиксируют заметную внутристадную родственную связанность, имеющую прямое значение для сохранения

андийской породы и организации дальнейшей племенной работы. В дальнейшем представляется целесообразным сопоставить полученные маркерные оценки родства с данными происхождения животных и фактической структурой использования производителей в стаде, что позволит точнее интерпретировать выявленную внутристадную связанность.

Выводы

Conclusion

Проведенный анализ 12-локусной STR-панели показал, что исследуемое стадо овец андийской породы характеризуется высокой полнотой генотипирования и удовлетворительной аналитической надежностью, что позволяет использовать полученный массив данных для интерпретации внутристадной генетической структуры. Технические показатели качества не выявили критических артефактов, способных существенно исказить оценки родства и показатели, примененные для диагностики недавнего демографического сужения.

Маркерный анализ показал сочетание низкого среднего панельного инбридинга с заметной внутристадной родственной связанностью. При невысоком среднем значении FIS распределение попарных коэффициентов родства r указывало на присутствие в стаде значительной доли генетически близких животных, что согласуется с существованием выраженной семейственной структуры и ограниченной племенной базы. В то же время совокупность критериев, использованных для диагностики демографического сужения, не поддержала гипотезу о недавнем сильном демографическом сужении. L-образный профиль распределения частот аллелей и интегральные значения M-ratio соответствовали сценарию без резкого недавнего обеднения аллельного спектра. Это позволяет предположить, что выявленная родственная связанность обусловлена преимущественно не недавней демографической катастрофой, а особенностями воспроизводственной структуры стада и постепенным накоплением родственных связей.

Таким образом, генетическое состояние исследуемой выборки андийской породы может быть охарактеризовано как относительно стабильное по признакам недавней демографической динамики, но требующее внимания с точки зрения контроля внутристадного родства. Полученные результаты подтверждают целесообразность регулярного маркерного мониторинга, направленного на ограничение дальнейшего накопления родственных связей и сохранение генетической устойчивости локальной породы.

Список литературы

1. FAO. *The second report on the state of the world's animal genetic resources for food and agriculture*. Rome: FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments, 2015:562.
2. Groeneveld L.F., Lenstra J.A., Eding H. et al. Genetic diversity in farm animals – a review. *Animal Genetics*. 2010;41(s1):6-31. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x>
3. MacHugh D.E., Loftus R.T., Bradley D.G. et al. Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 1994;256(1345):25-31. <https://doi.org/10.1098/rspb.1994.0044>
4. Blouin M.S., Parsons M., Lacaille V., Lotz S. Use of microsatellite loci to classify individuals by relatedness. *Molecular Ecology*. 1996;5(3):393-401. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1996.tb00329.x>
5. Blouin M.S. DNA-based methods for pedigree reconstruction and kinship analysis in natural populations. *Trends in Ecology & Evolution*. 2003;18(10):503-511. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(03\)00225-8](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(03)00225-8)
6. Van Oosterhout C., Hutchinson W.F., Wills D.P.M., Shipley P. MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*. 2004;4(3):535-538. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00684.x>
7. Wagner A.P., Creel S., Kalinowski S.T. Estimating relatedness and relationships using microsatellite loci with null alleles. *Heredity*. 2006;97:336-345. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800865>
8. Peakall R., Smouse P.E. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*. 2012;28(19):2537-2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
9. Cornuet J.-M., Luikart G. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics*. 1996;144(4):2001-2014. <https://doi.org/10.1093/genetics/144.4.2001>
10. Luikart G., Allendorf F.W., Cornuet J.-M., Sherwin W.B. Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. *Journal of Heredity*. 1998;89(3):238-247. <https://doi.org/10.1093/jhered/89.3.238>
11. Garza J.C., Williamson E.G. Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci. *Molecular Ecology*. 2001;10(2):305-318. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2001.01190.x>
12. Volkova V.V., Abdelmanova A.S., Deniskova T.E. et al. Investigation of the genetic diversity of Dagestan Mountain cattle using STR-Markers. *Diversity*. 2022;14(7):569. <https://doi.org/10.3390/d14070569>
13. Marković M., Radonjić D., Zorc M. et al. Genetic diversity of Montenegrin local sheep breeds based on microsatellite

References

1. FAO. *The second report on the state of the world's animal genetic resources for food and agriculture*. Rome: FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments, 2015:562.
2. Groeneveld L.F., Lenstra J.A., Eding H. et al. Genetic diversity in farm animals – a review. *Animal Genetics*. 2010;41(s1):6-31. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x>
3. MacHugh D.E., Loftus R.T., Bradley D.G. et al. Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 1994;256(1345):25-31. <https://doi.org/10.1098/rspb.1994.0044>
4. Blouin M.S., Parsons M., Lacaille V., Lotz S. Use of microsatellite loci to classify individuals by relatedness. *Molecular Ecology*. 1996;5(3):393-401. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1996.tb00329.x>
5. Blouin M.S. DNA-based methods for pedigree reconstruction and kinship analysis in natural populations. *Trends in Ecology & Evolution*. 2003;18(10):503-511. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(03\)00225-8](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(03)00225-8)
6. Van Oosterhout C., Hutchinson W.F., Wills D.P.M., Shipley P. MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*. 2004;4(3):535-538. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00684.x>
7. Wagner A.P., Creel S., Kalinowski S.T. Estimating relatedness and relationships using microsatellite loci with null alleles. *Heredity*. 2006;97:336-345. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800865>
8. Peakall R., Smouse P.E. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*. 2012;28(19):2537-2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
9. Cornuet J.-M., Luikart G. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics*. 1996;144(4):2001-2014. <https://doi.org/10.1093/genetics/144.4.2001>
10. Luikart G., Allendorf F.W., Cornuet J.-M., Sherwin W.B. Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. *Journal of Heredity*. 1998;89(3):238-247. <https://doi.org/10.1093/jhered/89.3.238>
11. Garza J.C., Williamson E.G. Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci. *Molecular Ecology*. 2001;10(2):305-318. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2001.01190.x>
12. Volkova V.V., Abdelmanova A.S., Deniskova T.E. et al. Investigation of the genetic diversity of Dagestan Mountain cattle using STR-Markers. *Diversity*. 2022;14(7):569. <https://doi.org/10.3390/d14070569>
13. Marković M., Radonjić D., Zorc M. et al. Genetic diversity of Montenegrin local sheep breeds based on microsatellite

- markers. *Animals*. 2022;12(21):3029.
<https://doi.org/10.3390/ani12213029>
14. Mihailova Y., Rusanov K., Rusanova M. et al. Genetic diversity and population structure of Bulgarian autochthonous sheep breeds revealed by microsatellite analysis. *Animals*. 2023;13(11):1878.
<https://doi.org/10.3390/ani13111878>
15. Sztankoová Z., Milerski M., Vostrý L., Rychtářová J. Genetic diversity and population structure of nine local sheep populations bred in the Carpathia area of Central Europe revealed by microsatellite analysis. *Animals*. 2025;15(16):2400.
<https://doi.org/10.3390/ani15162400>
16. Bora S.K., Tessema T.S., Girmay G. Genetic diversity and population structure of selected Ethiopian indigenous cattle breeds using microsatellite markers. *Genetics Research*. 2023;2023:1106755.
<https://doi.org/10.1155/2023/1106755>
- markers. *Animals*. 2022;12(21):3029.
<https://doi.org/10.3390/ani12213029>
14. Mihailova Y., Rusanov K., Rusanova M. et al. Genetic diversity and population structure of Bulgarian autochthonous sheep breeds revealed by microsatellite analysis. *Animals*. 2023;13(11):1878.
<https://doi.org/10.3390/ani13111878>
15. Sztankoová Z., Milerski M., Vostrý L., Rychtářová J. Genetic diversity and population structure of nine local sheep populations bred in the Carpathia area of Central Europe revealed by microsatellite analysis. *Animals*. 2025;15(16):2400.
<https://doi.org/10.3390/ani15162400>
16. Bora S.K., Tessema T.S., Girmay G. Genetic diversity and population structure of selected Ethiopian indigenous cattle breeds using microsatellite markers. *Genetics Research*. 2023;2023:1106755.
<https://doi.org/10.1155/2023/1106755>

Сведения об авторе

Алимсолтан Ахмедович Оздемиров, кандидат биологических наук, заведующий лабораторией геномных исследований, селекции и племенного дела, Федеральный аграрный научный центр Республики Дагестан; 367014, Россия, г. Махачкала, ул. Шахбанова, 30; alim72@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0003-2150-2192>

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Статья поступила в редакцию 07.03.2026
Одобрена после рецензирования 30.03.2026
Принята к публикации 30.03.2026

Information about the author

Alimsoltan Akhmedovich Ozdemirov, CSc (Bio), Head of the Laboratory of Genomic Research, Selection and Breeding; Federal Agrarian Scientific Center of the Republic of Dagestan; 367014, Russian Federation, Makhachkala, Shahbanova St., 30; alim72@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0003-2150-2192>

Conflict of interests

The authors declare no relevant conflict of interests.

The article was submitted to the editorial office March 07, 2026
Approved after reviewing March 30, 2026
Accepted for publication March 30, 2026