

и сельского хозяйства – Режим доступа: <http://www.faostat.org>.

2. Разумеев К.Э. Современное состояние и динамика производства и переработки шерсти в мире // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2018. – № 4. – С. 30-34.

3. Ежегодник по племенной работе в овцеводстве и козоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2000 год). – Изд-во ВНИИплем. – 2001. – 225 с.

4. Ежегодник по племенной работе в овцеводстве и козоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2010 год). – Изд-во ВНИИплем. – 2011. – 262 с.

5. Ежегодник по племенной работе в овцеводстве и козоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2015 год). – Изд-во ВНИИплем. – 2016. – 352 с.

6. Ежегодник по племенной работе в овцеводстве и козоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2017 год). – Изд-во ВНИИплем. – 2018. – 351 с.

7. Ежегодник по племенной работе в овцеводстве и козоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2018 год). – Изд-во ВНИИплем. – 2019. – 346 с.

8. Данкверт С.А. Овцеводство стран мира. Изд. 2-е, дополн. / С.А. Данкверт А.М. Холманов О.Ю. Осадчая / М.: 2011. – 550 с.

9. Мороз В.А. Огрехи в овцеводстве // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2016. – № 1. – С. 22-24.

The article presents data on the current state, dynamics and trends in the development of sheep breeding, in the production of meat and wool in the world, Russia and CIS countries.

Key words: number of sheep, production of meat and wool, categories of sheep farms, trends in the development of the industry and in the production of sheep products.

Ерохин Александр Иванович, доктор с.-х. наук, профессор;

Карасев Евгений Анатольевич, доктор с.-х. наук, профессор факультета зоотехнии и биологии РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, тел.: 8 (499) 976-06-90;

Ерохин Сергей Александрович, доктор с.-х. наук, ген. директор ООО «Племенной импорт», тел.: 8 (495) 608-58-59; e-mail: rosplem.sergey@gmail.com.

УДК 636.39.034, 035; 575.22.

ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА НЕКОТОРЫХ ПОРОД КОЗ НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА МИКРОСАТЕЛЛИТОВ

В.Р. ХАРЗИНОВА¹, С.Н. ПЕТРОВ¹, А.В. ДОЦЕВ¹, Н.А. БЕЗБОРОВОДА², Н.А. ЗИНОВЬЕВА¹

¹ ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста»;

² ФГБНУ «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук»

В статье дана характеристика популяционно-генетической структуры и степени генетической дифференциации советской шерстной, таджикской шерстной, оренбургской пуховой, альпийской и зааненской молочных пород коз, с использованием анализа микросателлитов.

Ключевые слова: коза, порода, генетическое разнообразие, микросателлиты.

Одним из приоритетных направлений Государственной программы развития сельского хозяйства и регулирования рынков сельскохозяйственной продукции, сырья и продовольствия на 2013-2020 гг. является обеспечение условий для ускоренного развития животноводства, подотраслью которого является козоводство, поставляющее народному хозяйству разнообразную и ценную продукцию, как для легкой, так и для пищевой промышленности. По данным ФАО коз разводят в 170 странах мира, от Заполярья до Экватора и стран Океании. Общая их численность приближается к 750 млн голов [1]. В России, козоводство издавна широко распространено по всей территории страны, численность поголовья которого, во всех категориях российских хозяйств, относительно стабильна и за последние годы составляет 2,1 млн голов, в том числе молочных – 783 тыс., грубошерстных – 942 тыс., пуховых и шерстных – 367 тыс. голов [2]. Также, бесспорный селекционный прогресс в козоводстве, проявляется в создании и улучшении специализированных пород, количество

которых постоянно растет. В широком генетическом плане современные породные достижения в козоводстве – это продолжение селекционного успеха шумеров в улучшении коз Месопотамии. Археологические данные показывают, что именно в Месопотамии за 3-4 тыс. лет до н.э. коз содержали для получения шерсти. Судя по изображению на каменной плите из Ниппура, там разводили коз с длинным волнистым руном, которое особенно ценилось в ткацком производстве. По телосложению, форме головы, рогов и особенно шерсти, эти козы напоминали коз ангорской породы. В дальнейшей производственной культуре сельского хозяйства Азии методами селекции постоянно поддерживалось непрерывное улучшение шерстного покрова коз. В Турции была создана ангорская порода, в Индии – кашмирская, а в результате улучшения пуховой и шерстной продуктивности животных в Китае появились меховые козы [3]. Развитие шерстного козоводства в нашей стране началось с завоза из США в 1936 г. 338 козлов и 400 коз ангорской породы, закупленных в штатах Техас и Нью-Мексико, которые были размещены в хозяйствах Таджикистана, Узбекистана, Казахстана и Туркмении. Завезенных козлов ангорской породы использовали для скрещивания с местными грубошерстными матками, в результате чего была создана и официально утверждена новая порода коз шерстного направления – советская шерстная (приказ Министерства сельского хозяйства СССР № 71 от 5 мая 1962 г.).

В 2004 году, в результате кропотливой научно-исследовательской работы, таджикская популяция советских шерстных коз была преобразована в отдельную породу – таджикскую шерстную (Постановление коллегии МСХ РТ «Об утверждении таджикской породы шерстных коз» № 3/7 от 23.07. 2004 г). [4, 5].

Одной из основных отечественных пуховых пород коз, не уступающей кашмирским, является оренбургская порода, пух которой принадлежит к лучшим образцам мирового уровня. Выведенные методом народной селекции потомки знаменитых кашмировских коз Тибета и Памира, оренбургские козы на южных склонах Уральских гор достигли своего совершенства, и это единственная порода в нашей стране, обладающая самым тонким пуховым волокном (14-16 мкм), не грубеющим с возрастом [6]. Интересен тот факт, что оренбургские козы разводятся только в Оренбургской области. Попытки французов в XIX веке вывезти из Поволжья оренбургскую козу не увенчались успехом: тонкий пух козам нужен для сохранения тепла, а мягкий климат Франции этому не способствовал. В результате, животные этой породы во Франции выродились, превратившись в обычных коз с грубым толстым пухом.

Однако, из всего многообразия пород коз, разводимых в мире, самую многочисленную группу (более 50%) составляют породы, у которых основной продукцией является молоко. Так, Европа дала миру молочную зааненскую породу. Своё название эти козы получили от долины Зааненталь в Швейцарии – центра их наибольшего распространения. В 1856 г. на Всемирной выставке в Париже козы этой породы были представлены как белые безрогие зааненские козы. Уже в 1880 г. зааненские козы были вывезены в Германию, Англию и другие страны для улучшения местных пород [7]. В нашу страну коз зааненской породы периодически завозили из Швейцарии и других европейских стран. Например, в 1905 г. 20 зааненских коз привез в Россию профессор А.А. Калантар. В 1911 г. в поселок Стрельня под Петербургом привезли уже 200 коз этой породы. Их скрещивали с козами породы самар, а затем продавали в разные районы страны. В 1912 г. партия коз численностью 500 голов, закупленных в Швейцарии и представлявших собой в основном пользовательных низко-классных животных, была распространена по многим губернским центрам России. Позднее они стали родоначальницами помесных зааненских коз в Ленинградской, Московской, Ивановской и некоторых других областях России [8]. Еще одной породой, разведением которой также занимались швейцарцы, является альпийская. Животные этой породы уверенно распространились по миру благодаря своим высоким продуктивным качествам и неприхотливости к условиям содержания. Разведением альпийских коз занимаются и в нашей стране. Первые несколько сотен особей, предназначенных для племенного массового разведения, были завезены в 1997 г. в Калужскую область, откуда уже распространились по всей стране [9].

На сегодняшний день, селекционный породообразовательный процесс в козоводстве продолжается на базе использования наследственных возможностей животных, которые основываются на чистопородном разведении и скрещивании ведущих специализированных пород коз. Однако, важнейшую роль в селекции играет анализ генетической структуры и состояния генетического разнообразия пород и популяций сельскохозяйственных животных посредством молекулярно-генетических подходов [10]. Одним из таких методов, применяемых для популяционных и экологических исследований с целью изучения внутривидового распределения генетической изменчивости, переноса генов, степени дифференциации популяций и миграционных процессов, является анализ микросателлитов, известных также под названием STR (short tandem repeats – короткие tandemные повторы) [11]. Актуальность использования STR для изучения генетического разнообразия пород и популяций коз показана в работах исследователей ряда стран, в том числе Кореи [12], Ирана [13], Италии [14], Нидерландов [15]. В 2018 г. нами были опубликованы первые данные по разработке мультилокусной панели анализа микросателлитов для контроля достоверности происхождения и характеристики генетического разнообразия некоторых пород коз [16]. Полученные результаты послужили основой для продолжения изучения генетического разнообразия и структуры ранее не исследованных пород.

В связи с вышеизложенным, целью настоящих исследований являлось использование микросателлитов для характеристики популяционно-генетической структуры, а также оценки степени генетической дифференциации советской шерстной, таджикской шерстной, оренбургской пуховой, альпийской и зааненской молочных пород коз.

Материалы и методы исследования. Исследования проведены в лаборатории молекулярных основ селекции «Федерального научного центра животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста» в рамках выполнения исследований Министерства науки и высшего образования РФ по теме 0445-2019-0026, подтема 7, (АААА-А18-118021590138-1). Исходным материалом для исследований служили пробы ткани 156 коз следующих пород: советской шерстной (SOV, n = 32, МУП «Ангорка» Республики Тыва), таджикской шерстной (TAD, n = 34, ОПХ «Табошар» Республики Таджикистан), оренбургской (ORB, n = 25, ООО ГКХ «Губерлинское» Оренбургской области), альпийской (ALP, n = 23, ООО «УГМК-АГРО» АО «Тепличное» Свердловской области) и зааненской (SAAN, n = 42, ЗАО «Племенной завод Приневское» Ленинградской области). Выделение ДНК осуществляли с помощью набора реагентов «ДНК-Экстрэн» (ЗАО «Синтол», Россия) согласно протоколу фирмы-изготовителя. Мультиплексный анализ, включающий 10 STR (INRA006, ILSTS087, INRA063, CSR247, FCB20, ILSTS19, INRA23, ILSTS011, MAF065 и SRCRSP005),

выполняли с использованием ранее описанной методики [16]. Капиллярный электрофорез проводили на генетическом анализаторе ABI 3130xl (Applied Biosystems, США) с последующим определением длин аллелей микросателлитов в программном обеспечении GeneMapper v. 4.0. (Applied Biosystems). Для популяционно-генетической характеристики каждой породы, в программном обеспечении GenAlEx 6.5 [17], определяли среднее число аллелей (N_A) и эффективное число аллелей (N_E) на locus [18], аллельное разнообразие, рассчитанное с применением процедуры рарификации (A_R) [19], наблюдаемую (H_O) и ожидаемую (H_E) гетерозиготность и коэффициент инбридинга (F_{IS}) [20] в R пакете «diveRsity», с последующей визуализацией в пакете «pophelper» [21]. Степень генетической дифференциации исследуемых пород коз оценивали на основании попарных значений D_{Jost} [22] и генетических дистанций M. Nei (D_N) [23]. Матрица попарных значений Jost's D была использована для построения филогенетического дерева по алгоритму «сети соседей» (Neighbor-Net) в программе SplitsTree 4.14.5 [24]. Анализ главных компонент (Principal Component Analysis, PCA) проводили с помощью R пакета adegenet [25] с визуализацией в R пакете gglot2 [26]. Исходные файлы формировали в программной среде R3.5.0 [27].

Результаты исследований. Анализ генотипов десяти микросателлитов в пяти породах коз выявил 93 аллеля. Все локусы были полиморфными. При этом, наибольшей вариабельностью характеризовались локусы INRA006 (13 аллелей), ILSTS087 (11 аллелей), CSRD247 и INRA23 (11 аллелей) и MAF065 (10 аллелей). У остальных локусов аллельный полиморфизм был сравнительно ниже и выявлено от 5 (INRA063) до 9 (SRCRSP005) аллельных вариантов. Среднее число аллелей составило 9,3 аллеля на один locus, что превышает значения среднего числа аллелей, детектированных в популяциях и породах коз Тайланда, с использованием пяти полиморфных микросателлитов, и в египетских и саудовских породах, с использованием 12 локусов: 7,4 и 8,25 соответственно [28, 29].

При анализе соотношения частот генотипов генетическому равновесию Харди-Вайнберга, у всех локусов, за исключением ILSTS087 и CSRD247, выявлены статистически достоверные отклонения от состояния генетического равновесия. При этом, локусы ILSTS19 и SRCRSP005 имели высоко достоверное отклонение от состояния генетического равновесия ($P < 0,001$) во всех исследуемых породах. Наибольшее количество локусов (пять) с достоверным отклонением от равновесного состояния

было детектировано в зааненской породе. Остальные породы коз имели равное количество локусов (четыре) с достоверными отклонениями от состояния генетического равновесия.

Результаты анализа генетических дистанций на основании попарных значений Jost's D и генетических дистанций M. Nei представлены в таблице 1.

В целом, генетические связи между исследуемыми породами, выявленные как на основе попарных значений Jost's D, так и генетических дистанций M. Nei, имели сходный паттерн. Однако, были выявлены небольшие различия в отношении максимальных значений индексов. Так $D_{JostMAX}$ был выявлен для TAD/ALP, в то время как D_{NMAX} для TAD/SAAN, и составили соответственно 0,129 и 0,394. Наименьшей генетической удаленностью характеризовались породы SOV и ORB: $D_{Jost} = 0,014$ и $D_N = 0,114$.

Для более наглядного анализа генетических дистанций между исследуемыми породами, на основе матрицы попарных генетических дистанций Jost's D по алгоритму «сети соседей» (NeighborNet), было выполнено построение филогенетической дендрограммы (рис. 1).

Таблица 1

Генетические дистанции между исследуемыми породами коз на основе анализа 10 микросателлитов

Порода	SOV	TAD	ORB	ALP	SAAN
SOV		0.173	0.114	0.205	0.236
TAD	0.032		0.176	0.386	0.394
ORB	0.014	0.037		0.259	0.252
ALP	0.042	0.129	0.074		0.183
SAAN	0.055	0.118	0.051	0.037	

Примечание: несмещенные дистанции M. Nei указаны над диагональю; значения Jost's D при парном сравнении – под диагональю.

Расшифровку аббревиатур для пород коз см. в методике.

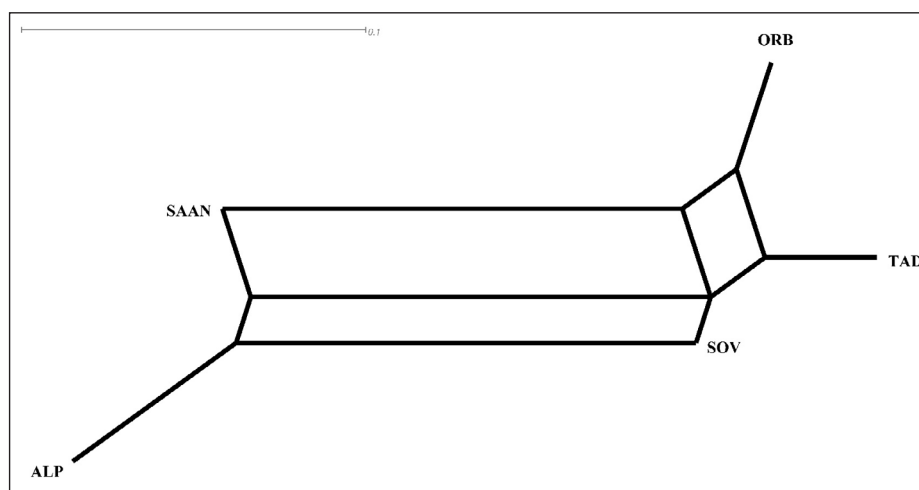


Рис. 1. Филогенетическая дендрограмма взаимоотношений исследуемых пород коз, построенная на основе матрицы попарных генетических дистанций Jost's D по алгоритму «сети соседей» (NeighborNet)

Примечание: расшифровку аббревиатур для пород коз см. в методике

Так, наблюдалось четкое разделение двух ветвей, соответствующих породам отечественного (SOV, TAD и ORB) и иностранного (SAAN и ALP) происхождения. Формирование общего кластера породами молочного направления продуктивности

Распределение генетических вариаций в зависимости от географического положения и этнического происхождения является важным источником информации об исторических событиях и процессах, с которыми сталкивается тот или иной вид. Тем не менее, несмотря на то, что географическая изоляция, миграция и адмиксия приводят к структурированию генетической изменчивости, при которых индивидуумы показывают большую или меньшую родственность с другими группами, сделать выводы о природе и сроках таких процессов общеизвестно сложно. Альтернативой является использование статистических методов анализа, которые позволяют уменьшить размерность данных, при этом потеряв наименьшее количество информации

и выявить основные паттерны изменчивости выборки. Одним из таких методов является анализ главных компонент (Principal Component Analysis, PCA), ключевая особенность которого заключается в возможности проецирования образцов на ортогональные координатные оси, каждая из которых состоит из линейной комбинации аллельных или генотипических значений [30, 31]. Проведенный нами PCA-анализ на основе частот аллелей исследованных пород коз (рис. 2) позволил охарактеризовать размах вариабельности и проследить главные паттерны популяционно-генетической дифференциации особей исследуемых пород коз.

Первая компонента, которая объясняет большую часть (5,1%) генетической изменчивости всего массива данных, четко отделила кластер, сформированный тремя породами отечественного происхождения от коз зааненской и альпийской пород. При этом вторая и третья компоненты отразили 3,2% и 3,4% генетической изменчивости соответственно.

Для оценки степени генетического разнообразия популяций и пород животных наиболее часто используют основные показатели аллельного разнообразия, а также степени гетерозиготности, которые рассчитываются по каждому локусу, и, в среднем, по всем используемым полиморфным локусам [32]. Результаты анализа основных показателей генетической изменчивости каждой исследуемой породы представлены в таблице 2.

Максимальные значения среднего числа аллелей на локус и аллельного разнообразия, скорректированного методом рарификации, были детектированы у коз советской шерстной породы: $N_A = 8,200 \pm 0,629$, $A_R = 7,429 \pm 0,411$. Показатель эффективного числа аллелей не выявил существенных различий между ORB, TAD, SAAN и SOV породами: значения N_E варьировали от 4,248 (TAD) до 4,851 (ORB). Козы альпийской породы характеризовались минимальными значениями аллельного разнообразия: $N_A = 5,800 \pm 0,389$,

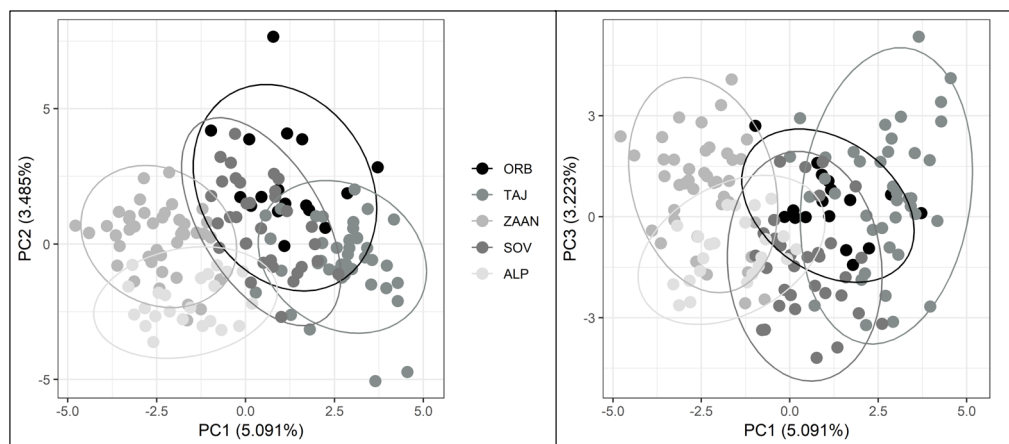


Рис. 2. Проекция особей исследуемых пород коз на плоскости двух координат по данным PCA-анализа

Примечание: расшифровку аббревиатур для пород коз см. в методике

Таблица 2

Характеристика аллелофонда и параметры генетического разнообразия исследуемых пород коз на основе анализа 10 микросателлитов

Порода	N_A	N_E	A_R	H_O	H_E	F_{IS} ($F_{IS}^{95\%}$ CI > 0)
ORB	7.400 ± 0.581	4.851 ± 0.488	6.625 ± 0.885	0.691 ± 0.077	0.724 ± 0.044	0.056 [-.076;0.188]
TAD	7.700 ± 0.746	4.248 ± 0.438	6.665 ± 0.491	0.659 ± 0.063	0.745 ± 0.025	0.12 [-.019;0.259]
SAAN	7.100 ± 0.458	4.350 ± 0.347	6.133 ± 0.302	0.744 ± 0.033	0.748 ± 0.024	-0.004 [-0.05;0.042]
SOV	8.200 ± 0.629	4.435 ± 0.388	7.429 ± 0.411	0.738 ± 0.051	0.771 ± 0.022	0.047 [-.058;0.152]
ALP	5.800 ± 0.389	3.686 ± 0.373	5.103 ± 0.286	0.635 ± 0.034	0.671 ± 0.033	0.06 [0.017;0.103]

Примечание: N_A – среднее число аллелей на локус; N_E – число эффективных аллелей на локус; A_R – аллельное разнообразие; H_O – наблюдаемая гетерозиготность. H_E – ожидаемая гетерозиготность. F_{IS} – коэффициент инбридинга.

Расшифровку аббревиатур для пород коз см. в методике.

$N_E = 3,686 \pm 0,373$ и $A_R = 5,103 \pm 0,286$. Наивысший уровень гетерозиготности был отмечен в двух породах: зааненской и советской шерстной ($H_{OSAAN} = 0,744 \pm 0,033$, $H_{OSOV} = 0,738 \pm 0,051$, $H_{ESAAN} = 0,748 \pm 0,024$, $H_{ESOV} = 0,771 \pm 0,022$), в то время как наименьший – в альпийской породе: $H_O = 0,635 \pm 0,034$ и $H_E = 0,671 \pm 0,033$. Более низкие значения как аллельного, так и генетического разнообразия у альпийских коз, предположительно, свидетельствуют о высоком давлении отбора и минимальной или нулевой миграции новых генов в породе. Кроме того, по мнению некоторых исследователей, о низком уровне генетического разнообразия свидетельствуют значения ожидаемой и наблюдаемой степени гетерозиготности ниже 0,5, что было выявлено в популяциях коз Шри-Ланки, Австралии, Кореи, Ботсваны, Индии, Бразилии и Цване [33-36]. Низкий уровень генетической изменчивости влияет на устойчивость популяции к неблагоприятным условиям среды, а также разрушает локальные адаптации и коадаптированные генные комплексы, что, в конечном итоге, может привести к снижению численности и вымиранию популяции или вида [37, 38]. У коз ORB, TAD, SOV и ALP пород был выявлен незначительный недостаток гетерозигот, в то время как у особей зааненской породы небольшой их избыток. При этом, для всех пород, за исключением альпийской, доверительный интервал 95% (CI) коэффициента инбридинга включал ноль, указывая на генетическое равновесие в данных породах.

Выводы. Таким образом, в результате анализа полиморфизма 10 микросателлитов дана характеристика популяционно-генетической структуры и определена степень дифференциации пород коз как отечественного, так и иностранного происхождения. Полученная информация служит исходной предпосылкой для реализации программ улучшения селекционно-племенной работы в козоводстве. Однако, для более целостной информации о генетической структуре и взаимоотношениях пород коз, желательны проведение дополнительных исследований с применением других маркерных систем анализа, а также увеличение породной выборки.

ЛИТЕРАТУРА

1. Ревякин Е.Л. Рекомендации по развитию козоводства / Е.Л. Ревякин Л.Т. Мехрадзе С.И. Новопашина. – М.: ФГНУ «Росинформагротех». – 2010. – 120 с.
2. <http://agrarnik.ru/news/molochnoe-kozovodstvo-perspektivnaja-otrasl6-sel6skogo-hozjajstva-v-rossii-6188/> Дата обращения: 04.04. 2019.
3. <http://farm.dp.ua/> Дата обращения: 04.04. 2019.
4. Сафаров Т.С. Хозяйственные и биологические особенности местных коз Таджикистана: дисс. канд. с-х. наук. – Таджикистан. – 2017. – 177 с.
5. Косимов Ф.Ф. Таджикская шерстная порода коз // Зоотехния. – 2015. – № 3. – С. 5-7.
6. Буканов А.Л. Рост, развитие и реализация продуктивного потенциала молодняка коз оренбургской породы в зависимости от пола и физиологического состояния: дисс. канд. с-х. наук. – Оренбург. – 2008. – 163 с.

7. Сефербекова С.М. Сравнительная характеристика коз зааненской и русской белой породы / С.М. Сефербекова А.А. Коростина Д.М. Мусин Е.В. Шацких // Молодежь и наука. – 2016. – № 12. – С. 3-9.

8. <https://studref.com/579174/agropromyshlennost/porody> Дата обращения: 06.04. 2019.

9. Брюнчугин В.В. Продуктивность и технологические свойства молока коз зааненской, альпийской и нубийской пород: дисс. канд. с-х. наук. – Москва. – 2012. – 182 с.

10. Barker T. Genetic variation within and relationships among populations of Asian goats (*Capra hircus*) / T. Barker M. Moore S. Matheson // J. Anim. Breed. Genet. – 2001. – № 118. – P.213-233 (doi.org/10.1046/j.1439-0388.2001.00296.x.).

11. Харзинова В.Р. Изучение аллелофонда и степени генетической интрогрессии домашней и дикой популяций северного оленя (*Rangifer tarandus L., 1758*) с использованием микросателлитов / В.Р. Харзинова А.В. Доцев А.С. Крамаренко К.А. Лайшев Т.М. Романенко А.Д. Соловьева Т.Е. Денискова О.В. Костюнина Г. Брем Н.А. Зиновьева // Сельскохозяйственная биология. – 2016. – № 51. – С. 811-823. (doi: 10.15389/agrobiology.2016.6.811rus).

12. Kim K.S. Genetic diversity of goats from Korea and China using microsatellite analysis / K.S. Kim J.S. Ye o J.W. Lee J.W. Kim C.B. Choi // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. – 2002. – № 15(4). – С. 461-465. (doi: <https://doi.org/10.5713/ajas.2002.461>).

13. Asroush F. Genetic characterization of Markhoz goat breed using microsatellite markers / F. Asroush, S-Z. Mirhoseini N. Badbarin A. Seidavi V. Tufarelli V. Laudadio C. Dario M. Maria Selvaggi // Arch. Anim. Breed. – 2018. – № 61. – P. 469-473. (doi.org/10.5194/aab-61-469-2018).

14. Lenstra J.A. Microsatellite diversity of the Nordic type of goats in relation to breed conservation: how relevant is pure ancestry? / J.A. Lenstra J. Tigchelaar I. Biebach, Econogene Consortium J.H. Hallsson J. Kantanen V.H. Nielsen F. Pompanon S. Naderi H.–R. Rezaei N. Sæther O. Ertugrul C. Grosen G. Camenisch M. Vos-Loohuis M. van Straten E.A. de Poel J. Windig K.J. Oldenbroek // Anim. Breed. Genet. – 2017. – № 134. – P. 78-84. (doi:10.1111/jbg.12226).

15. Петров С.Н. Разработка мультиплексной STR-панели для контроля достоверности происхождения и характеристики генетического разнообразия коз. / С.Н. Петров В.Р. Харзинова Е.А. Гладырь Ч.С. Самбу-Хоо Н.А. Зиновьева // Достижения науки и техники АПК. – 2018. – № 32, 11. – С. 60-63.

16. Peakall R. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. / R. Peakall P.E. Smouse // Bioinformatics – 2012. – № 28. – P. 2537-2539. (doi: 10.1093/bioinformatics/bts460).

17. Brown A.H.D. Measuring genetic variability in plant populations. In: Isozymes in plant genetics and breeding, Part A. / A.H.D. Brown B.S. Weir S.D. Tanksley T.J. Orton (eds.) // Amsterdam. – Elsevier Science Publ. – 1983.

18. Kalinowski S.T. Counting alleles with rarefaction: Private alleles and hierarchical sampling designs // Conserv. Genet. – 2004. – № 5. – P. 539-543. (doi: 10.1023/B:COGE.0000041021.91777.1a).

19. Hartl D.L. Principles of population genetics / D.L. Hartl A.G. Clark // Massachusetts. – Sunderland. – 1997.

20. Keenan K. diveRsity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors / K. Keenan P. McGinnity T.F. Cross W.W. Crozier P.A. Prodöhl // *Methods in Ecology and Evolution*. – 2013. – № 4. – P. 782-788. (doi.org/10.1111/2041-210X.12067).
21. Jost L. GST and its relatives do not measure differentiation // *Mol. Ecol.* – 2008. – № 17. – P. 4015-4026. (doi: 10.1111/j.1365-294X.2008.03887.x).
22. Nei M. Genetic distance between populations // *Am. Nat.* – 1972. – № 106 (949). – P. 283-292. (doi: 10.1086/282771).
23. Huson D.H. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies / D.H. Huson D. Bryant // *Molecular Biology and Evolution*. – 2006. – № 23. – P. 254-267. (doi.org/10.1093/molbev/msj030).
24. Jombart T. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers // *Bioinformatics*. – 2008. – № 24. – P. 1403-1405. (doi: 10.1093/bioinformatics/btn129).
25. Wickham H. ggplot2: Elegant graphics for data analysis // NY. – Springer-Verlag. – 2009.
26. R Core Team. R: a language and environment for statistical computing. R Foundation for statistical computing. Vienna. – Austria. – 2012. <http://www.Rproject.org>.
27. Seiltsuth S. Microsatellite analysis of the genetic diversity and population structure in dairy goats in Thailand / S. Seiltsuth J.H. Seo H.S. Kong G.J. Jeon // *Asian-Australas J Anim Sci.* – 2016. – № 29(3). – P. 327-332. (doi: 10.5713/ajas.15.0270).
28. Mahrous K.F. Genetic diversity in Egyptian and Saudi goat breeds using microsatellite markers / K.F. Mahrous S.Y.M. Alakilli L.M. Salem S.H. Abd El-Azizem A.A. El Hanafy // *Journal of applied biosciences*. – 2013. – № 72. – P. 5838-5845. (doi: 10.4314/jab.v72i1.99671).
29. Patterson N. Population Structure and Eigenanalysis / N. Patterson A.L. Price D. Reich // *PLoS Genet.* – 2006. – № 2(12). – e190. (doi.org/10.1371/journal.pgen.0020190).
30. Novembre J. Genes mirror geography within Europe / J. Novembre T. Johnson K. Bryc Z. Kutalik A.R. Boyko // *Nature*. – 2008. – № 456. – P. 98-101.
31. Храброва Л.А. Методические положения по использованию ДНК-анализа лошадей для оценки генетических ресурсов в коневодстве / Л.А. Храброва Л.В. Калинин М.А. Зайцева. – Дивново. – 2011. – 28 с.
32. Maletsanake D. Genetic variation from 12 microsatellite makers in an indigenous Tswana goat flock in Southeastern Botswana / D. Maletsanake S.J. Nsoso P.M. Kgwatalala // *Livestock research for rural development*. – 2013. – № 25 (2).
33. Davila S.G. Evaluation of diversity between different Spanish chicken breeds, a tester line and White Leghorn population based on microsatellite markers / S.G. Davila M.G. Resino-Talavan J.L. Campo // *Poult.Sci.* – 2009. – № 88. – P. 2518-2525. (doi: 10.3382/ps.2009-00347).
34. Dorji N. Genetic characterization of Bhutanese native chickens based on an analysis of Red Junglefowl (*Gallus gallus*) and *Gallus gallus padecicus*, domestic Southeast Asian and commercial chicken lines (*Gallus gallus domesticus*) / N. Dorji M. Duangjinda Y. Phasuk // *Genetics and Molecular Biology*. – 2012. – № 35. – P. 603-609 (doi: 10.1590/S1415-47572012005000039).
35. Mahmoudi B. Breed characteristics in Iranian native goat populations / B. Mahmoudi M. Babayev Sh. Hayeri Khiafi F. Pourhosein M. Daliri // *Journal of cell and animal biology*. – 2011. – № 5(7). – P. 129-134.
36. Mekuriaw G. Review on current knowledge of genetic diversity of domestic goats (*Capra hircus*) identified by microsatellite loci: how those efforts are strong to support the breeding programs? / G. Mekuriaw S. Gizaw T. Dessie O. Mwai A. Djikeng K. A Tesfaye // *Journal of Life Science and Biomedicine*. – 2016. – № 6(2). – P. 22-32.

The article describes the population-genetic structure and degree of genetic differentiation of the Soviet wool, Tajik wool, Orenburg downy, Alpine and Zaanen dairy breeds of goats, using the microsatellites analysis.

Key words: goat, breed, genetic diversity, microsatellites

Харзинова Вероника Руслановна, вед. науч. сотрудник, тел.: 89258790712;

Петров Сергей Николаевич, ст. науч. сотрудник, тел.: 89262709781;

Доцев Арсен Владимирович, вед. науч. сотрудник, тел.: 89153167965 ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста»;

Безбородова Наталья Александровна, ст. науч. сотрудник ФГБНУ «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук», тел.: 8 (343) 257-20-44;

Зиновьева Наталия Анатольевна, директор ФГБНУ «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», тел.: 8 (496) 7651163.

УДК 636.39.035

ИММУНОГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА КОЗ РЕСПУБЛИКИ АЛТАЙ

Г.М. ГОНЧАРЕНКО¹, Н.Б. ГРИШИНА¹, Т.С. ХОРОШИЛОВА¹, Т.Б. КАРГАЧАКОВА²

¹ СибНИПТИЖ Сибирского федерального научного центра агробиотехнологий
Российской академии наук (СФНЦА РАН) Новосибирская область, пос. Краснообск,

² ГАНИИСХ – филиал Федерального Алтайского научного центра агробиотехнологий,
Республика Алтай, п. Майма

В статье представлены результаты иммуногенетического анализа по группам крови коз Алтайской белой пуховой породы и Чуйского типа Горно-алтайской пуховой породы. Показана как значительная вариабельность, так и слабая изменчивость отдельных аллелей в сравниваемых выборках. Индекс

генетического сходства между породами находится на уровне 0,5663, тогда как между стадами одной породы – 0,7259-0,8061, а стадами разных пород колеблется от 0,5252 до 0,5688.

Ключевые слова: козы, порода, группы крови, частота, индекс генетического сходства.