

О. А. Кошкина ✉

Т. Е. Денискова

Н.А. Чурбакова

А.Д. Соловьева

А.В. Доцев

Н.А. Зиновьева

Федеральный исследовательский
центр животноводства — ВИЖ
имени академика Л.К. Эрнста, пос.
Дубровицы, Московская обл., Россия

✉ i@koshkina-8.ru

Поступила в редакцию: 23.01.2026

Одобрена после рецензирования: 19.05.2026

Принята к публикации: 02.06.2026

© Кошкина О.А., Денискова Т.Е.,
Чурбакова Н.А., Соловьева А.Д.,
Доцев А.В., Зиновьева Н.А.

Research article

 creative commons
Open access

DOI: 10.32634/0869-8155-2026-407-06-103-113

Olga A. Koshkina ✉

Tatiana E. Deniskova

Nadezhda A. Churbakova

Anastasiya D. Solovieva

Arsen V. Dotsev

Natalia A. Zinovieva

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

✉ i@koshkina-8.ru

Received by the editorial office: 23.01.2026

Accepted in revised: 19.05.2026

Accepted for publication: 02.06.2026

© Koshkina O.A., Deniskova T.E.,
Churbakova N.A., Solovieva A.D., Dotsev A.V.,
Zinovieva N.A.

Сравнительный анализ митохондриального гена цитохрома b (*CytB*) у российских и индийских пород коз

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Россия и Индия представляют собой два важных, но контрастных центра козоводства с различной историей формирования пород. Сравнительный анализ генетического разнообразия пород из этих удаленных регионов с использованием гена *CytB* ранее не проводился. Такое исследование позволяет реконструировать филогенетические связи и оценить вклад исторических факторов в формирование генофонда.

Методы. На основе полногеномного секвенирования (NGS) были получены последовательности гена *CytB* для 155 особей из 15 пород коз России и Индии. Использовали расчет индексов генетического разнообразия (H_d , π), построение медианной сети гаплотипов и байесовского филогенетического дерева, определение гаплогрупп и анализ молекулярной дисперсии.

Результаты. Обе группы показали высокое гаплотипическое разнообразие, при этом нуклеотидное разнообразие (π) российских пород оказалось в 1,5 раза выше (0,00260 против 0,00176 у индийских). Доминирует гаплогруппа А (общая частота 77,4%). Она преобладает в российских породах (89,5%). Гаплогруппа В обнаружена только у индийских коз (30,4%), что указывает на различия в материнских линиях. Филогенетический анализ не выявил четкой географической кластеризации, кроме обособления гаплогруппы В. AMOVA показал, что основная вариация (82,26%) сосредоточена внутри пород. Различия между российскими и индийскими популяциями как группами минимальны (5,93%).

Исследование демонстрирует общность происхождения (доминирование гаплогруппы А, слабая межгрупповая дифференциация), и специфику генетической истории российских и индийских пород (разное нуклеотидное разнообразие, наличие уникальной для Индии гаплогруппы В).

Ключевые слова: козы (*Capra hircus*), митохондриальная ДНК, ген цитохрома b (*CytB*), гаплогруппы, генетическое разнообразие, филогенетический анализ.

Для цитирования: Кошкина О.А., Денискова Т.Е., Чурбакова Н.А., Соловьева А.Д., Доцев А.В., Зиновьева Н.А. Сравнительный анализ полиморфизма митохондриального гена цитохрома b (*CytB*) у российских и индийских пород коз. *Аграрная наука*. 2026; 407 (06): 103–113.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2026-407-06-103-113>

Comparative analysis of mitochondrial cytochrome b (*CytB*) gene polymorphism in Russian and Indian goat breeds

ABSTRACT

Relevance. Russia and India represent two important yet contrasting centers of goat breeding with different breed formation histories. A comparative analysis of the genetic diversity of breeds from these remote regions using the *CytB* gene had not been conducted previously. Such a study allows for the reconstruction of phylogenetic relationships and assessment of the contribution of historical factors to the formation of the gene pool.

Methods. Based on whole-genome sequencing (NGS), *CytB* gene sequences were obtained for 155 individuals from 15 goat breeds of Russia and India. The analysis involved calculation of genetic diversity indices (H_d , π), construction of a median-joining haplotype network and a Bayesian phylogenetic tree, determination of haplogroups, and analysis of molecular variance (AMOVA).

Results. Both groups exhibited high haplotype diversity, while the nucleotide diversity (π) of Russian breeds was 1.5 times higher (0.00260 vs. 0.00176 in Indian breeds). Haplogroup A dominates (overall frequency 77.4%). It is prevalent in Russian breeds (89.5%). Haplogroup B was found only in Indian goats (30.4%), indicating differences in maternal lineages. Phylogenetic analysis revealed no clear geographical clustering, except for the distinct separation of haplogroup B. AMOVA showed that the main variation (82.26%) is concentrated within breeds. Differences between Russian and Indian populations as groups are minimal (5.93%).

The study demonstrates both a common origin (dominance of haplogroup A, weak intergroup differentiation) and the specifics of the genetic history of Russian and Indian breeds (different nucleotide diversity, presence of a haplogroup B unique to India).

Keywords: goat (*Capra hircus*), mitochondrial DNA, cytochrome b gene (*CytB*), haplogroups, genetic diversity, phylogenetic analysis

For citation: Koshkina O.A., Deniskova T.E., Churbakova N.A., Solovieva A.D., Dotsev A.V., Zinovieva N.A. Comparative analysis of mitochondrial cytochrome b (*CytB*) gene polymorphism in Russian and Indian goat breeds. *Agrarian science*. 2026; 407 (06): 103–113 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2026-407-06-103-113>

Введение/Introduction

Домашняя коза (*Capra hircus*) является одним из ключевых видов сельскохозяйственных животных, обеспечивающим человека мясом, молоком, шерстью и пухом [1]. Несмотря на её глобальное распространение, вопросы происхождения, генетического разнообразия и филогенетических взаимоотношений между породами из различных географических регионов остаются предметом активного изучения. Россия и Индия представляют собой два уникальных центра козоводства, сформированных в различных климатических, экономических и культурных условиях. Российские породы (например, горно-алтайская, советская шерстная) адаптированы к суровому континентальному климату и зачастую имеют узкоспециализированную продуктивность. Индийские породы отличаются огромным фенотипическим разнообразием и, как считается, обладают высоким уровнем генетической вариабельности в силу древности одомашнивания коз в Южной Азии [2]. Индийские козы известны во всём мире благодаря своим уникальным качествам, таким как высокая молочная продуктивность у пород Jamnapari и Jakhrana, высокая плодовитость у коз Black Bengal, Beetal и Malabari, высокая скорость роста у коз Beetal, а также как источник самого роскошного натурального волокна — пашмины, которую получают от коз пород Changthangi и Chegu. К тому же уникальной особенностью индийских коз является их экстремальная адаптивность к температурам, варьирующимся от сильной жары засушливых регионов до суровых холодов высокогорных пустынь. [3]. Сравнительный генетический анализ пород из столь отдалённых регионов позволит не только оценить их текущее разнообразие, но и прояснить исторические пути миграции и селекции. Для решения этих филогенетических и популяционно-генетических задач наиболее эффективным инструментом является анализ митохондриальной ДНК (мтДНК).

Митохондриальная ДНК является классическим маркером для изучения эволюционной истории животных благодаря материнскому наследованию, отсутствию рекомбинации, высокой скорости мутаций и относительной простоте анализа. Среди генов мтДНК ген цитохрома b (*Cytb*) занимает особое место. Будучи кодирующим геном, он обладает вариабельными сайтами, информативными для установления филогенетических отношений на уровне видов, пород и внутривидовых линий. Анализ полиморфизма гена *Cytb* успешно применяется для идентификации гаплогрупп, построения филогенетических деревьев и оценки генетических расстояний между популяциями сельскохозяйственных животных (например, домашней овцы, *Ovis Aries*) [4]. Вместе с тем эффективность использования гена цитохрома

b (*Cytb*) для филогенетического анализа и оценки внутривидового разнообразия подтверждается современными исследованиями локальных популяций, например, черной иракской козы [5]. В данном исследовании *Cytb* также выбран в качестве ключевого маркера для проведения сравнительного анализа пород России и Индии с целью реконструкции их филогенетических взаимоотношений.

Многочисленные исследования на основе полного сиквенса мтДНК или её гипервариабельного региона (D-петля) позволили выделить несколько основных материнских линий (гаплогрупп) домашних коз, обозначаемых буквами A, B, C, D, F, G [6–8]. Доминирующей и повсеместно распространённой является гаплогруппа A, которая составляет основу большинства европейских, африканских и азиатских популяций. Гаплогруппа B встречается реже, но все равно имеет широкое распространение в Юго-Восточной Азии [9]. Гаплогруппы C, D, F, G считаются более редкими и часто ассоциированы с конкретными регионами. Гаплогруппа C встречается в Китае, Монголии, Франции, Швейцарии, Словении, Испании, Португалии, Пакистане и некоторых регионах Индии [10]. Гаплогруппа D была идентифицирована как отдельная линия в популяциях Восточной Азии и характеризуется низкой частотой встречаемости у монгольских, корейских и некоторых индийских коз [2, 11]. Гаплогруппа F обнаружена только на острове Сицилия в Италии, в то время как гаплогруппа G обнаружена в Иране, Саудовской Аравии, Египте и Турции [2, 10–13].

Существует мнение, что современные козы произошли от нескольких независимых событий одомашнивания безоарового козла, *Capra aegagrus*, в долинах верхнего Евфрата, на юго-востоке Анатолии, примерно 10 500 лет до настоящего времени¹, и в горах Загрос 9900–9500 лет до настоящего времени [14], с последующим распространением и интрогрессией местных диких видов.

Индия признается одним из вторичных центров разнообразия домашних коз. Исследования мтДНК индийских пород выявили преобладание гаплогруппы A с высоким внутривидовым разнообразием, а также присутствие гаплогрупп B, C и D [2, 15, 16]. Высокий уровень полиморфизма свидетельствует о древности популяций и возможном длительном независимом развитии. Все предыдущие работы были основаны на характеристике гипервариабельного участка митохондриальной ДНК D-петли, в то время как детальный сравнительный анализ с использованием митохондриального гена *Cytb* для широкого спектра индийских пород в литературе представлен недостаточно.

Изучение генетического разнообразия российских пород коз с помощью молекулярных

¹ Legge T. The beginning of caprine domestication in Southwest Asia. In: D.R. Harris (ed.), The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia. Smithsonian Institution Press, Washington. 1996; pp. 238–262.

маркеров активно развивается в последние два десятилетия. Главным образом, исследования российских пород коз основаны на использовании микросателлитов [17], SNP [18-20] и анализа гипервариабельного участка мтДНК D-петли [21, 22]. Проведенные работы показали, что российские породы также характеризуются доминированием гаплогруппы А. При этом выявлено наличие уникальных гаплотипов, что может быть следствием адаптации к экстремальным условиям, эффекта основателя в процессе породообразования или исторических скрещиваний с местными аборигенными популяциями.

Таким образом, в настоящее время существует значительный пробел в сравнительной филогенетической характеристике пород коз из столь отдаленных и контрастных регионов, как Россия и Индия, с использованием консервативного и информативного маркера — гена *CytB*. Большинство работ проводилось либо на породах одного региона, либо с использованием других маркеров (D-петля).

Целью настоящего исследования является проведение сравнительного анализа полиморфизма митохондриального гена *CytB* у представителей основных российских и индийских пород коз для оценки уровня внутри- и межпопуляционного генетического разнообразия, а также идентификации гаплотипов и установления их принадлежности к известным мировым гаплогруппам. Проведение такого исследования позволит не только пополнить мировую базу данных генетических ресурсов коз, но и даст ценную информацию для программ сохранения биоразнообразия и рационального использования генетического потенциала пород в селекции.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Образцы ткани (ушной выщип) 15 пород коз России и Индии были получены из биоресурсной коллекции «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы» в 2025 году Федерального исследовательского центра Всероссийский институт животноводства им. Л.К. Эрнста, входящей в состав биологических коллекций национального Центра генетических ресурсов сельскохозяйственных животных (Россия).

Итоговая выборка включала:

четыре российских породы:

- ✓ горноалтайская пуховая (ALTM, n = 16),
- ✓ карачаевская (KRCH, n = 20),
- ✓ оренбургская пуховая (OREN, n = 20),
- ✓ советская шерстная (SOVM, n = 20);

а также одиннадцать индийских пород:

- ✓ Assam Hill (ASL, n = 9; штат Ассам на северо-востоке Индии.),
- ✓ Changthangi (CHA, n = 8; высокогорное плато Чангтанг в Ладакхе, северная Индия),
- ✓ Jakharana (JAK, n = 10; деревня Джакхарана в округе Алвар штата Раджастан, северо-западная Индия),
- ✓ Jharkhand Black (JB, n = 3, штат Джаркханд, восточная Индия),
- ✓ Kalahandi (KAN, n = 10; округ Калаханди штата Орисса (Одиша), восточная Индия),
- ✓ Kanni Adu (KAN, n = 9; южные округа Тамилнада (Вируднагар, Тутикорин, Тирунелвели), южная Индия),
- ✓ Marwari (MAR, n = 5; пустыни Тар, западный Раджастан),
- ✓ Sangamneri (SAN, n = 4; город Сангамнер в округе Ахмеднагар. Южная Индия),
- ✓ Surti (SUR, n = 8; город Сурат в Гуджарате; малочисленная и исчезающая порода Индии.),
- ✓ Tellicherry (TEL, n = 4; округ Малабар в Керале, юго-западная Индия),
- ✓ Uttarakhand local (UK, n = 9; горная порода из штата Уттаракханд (Западные Гималаи)).

ДНК из ткани выделяли с использованием набора ДНК-Экстран-2 (ЗАО «Синтол», Россия) по протоколу производителя. Целостность полученных растворов геномной ДНК определяли в 1%-ом агарозном геле.

Качество и количество проводили с использованием спектрофотометра NanoDrop™ 8000 («ThermoFisher Scientific, Inc.», США) и Quibit 4.0 («Invitrogen/Life Technologies», США). К дальнейшему исследованию были отобраны пробы высокого качества (соотношение $OD_{260/280} > 1,8$) и с концентрацией 30 нг/мкл при объеме не менее 100 мкл.

Полногеномное секвенирование было проведено по технологии NGS (next generation sequencing) на секвенаторе NovaSeq 6000 («Illumina, Inc.», США). Подготовка библиотек для секвенирования была выполнена с использованием наборов TruSeq DNA Nano Library Prep kit («Illumina, Inc.», США) и Accel-NGS® 2S Plus DNA Library Kit (IDT) for Illumina® Platforms («Swift Biosciences, Inc.», США). Средняя глубина покрытия генома, включая локус *CytB*, составила 30X.

Выравнивание на референсный геном *Capra hircus*.ARS1.dna_sm.toplevel.fa.gz (https://ftp.ensembl.org/pub/release-113/fasta/capra_hircus/dna/) проводили с помощью инструментов bwa-mem2². и SAMtools³.

Из полных геномов были извлечены полные нуклеотидные последовательности митохондриального гена *CytB*. Последовательность гена *CytB* была

² Vasmuddin Md, Sanchit Misra, Heng Li, Srinivas Aluru. Efficient Architecture-Aware Acceleration of BWA-MEM for Multicore Systems. IEEE Parallel and Distributed Processing Symposium (IPDPS), 2019. 10.1109/IPDPS.2019.00041.

³ Li H, Handsaker B, Wysoker A, Fennell T, Ruan J, Homer N, Marth G, Abecasis G, Durbin R, and 1000 Genome Project Data Processing Subgroup, The Sequence alignment/map (SAM) format and SAMtools, Bioinformatics (2009) 25(16) 2078-2079. doi:10.1093/bioinformatics/btp352

восстановлена из полной последовательности мтДНК после ее выравнивания, выполненного с использованием MUSCLE алгоритма в программном обеспечении MEGA 7.0.26⁴.

Для построения медианной сети использовали программное обеспечение PopART 1.7⁵. Наилучшие модели эволюции определяли в программе PartitionFinder 2⁶ с использованием скорректированного критерия информации Акаике (AICc). Оптимальными оказались эволюционные модели HKY+I, F81 и GTR+I+G для каждого нуклеотида соответственно. Анализ AMOVA проводили в программе Arlequin 3.5.2.2⁷.

Построение байесовского филогенетического дерева выполнили в программе MrBayes 3.2.7⁸ с последующей визуализацией в FigTree 1.4.3⁹. Поиск по методу Монте-Карло¹⁰ с цепями Маркова был проведен с применением четырех цепей с использованием 10000000 шагов, деревья отбирались каждые 500 поколений (первые 25% деревьев были отброшены как «горящие»). В программе DnaSP 6.12.01 рассчитывали параметры генетического разнообразия: число полиморфных

сайтов (S), среднее число нуклеотидных различий (K), число гаплотипов (H), гаплотипическое разнообразие (Hd), нуклеотидное разнообразие (π), ошибки средних арифметических ($\pm$ SEM).

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Митохондриальный ген *CytB* характеризовался наличием 50 полиморфных сайтов, распределение которых между исследуемыми особями обуславливало формирование 46 различных гаплотипов.

Как показано в таблице 1, российские и индийские породы коз характеризовались схожим высоким гаплотипическим ($Hd = 0,902$ и $Hd = 0,760$) разнообразием. При этом у индийских коз наблюдалось меньшее нуклеотидное разнообразие по сравнению с российскими породами ($\pi = 0,00176$ и $\pi = 0,00260$, соответственно). Значительно меньшее нуклеотидное разнообразие (π) у индийских пород по сравнению с российскими, при сходном гаплотипическом разнообразии (Hd), может указывать на их различную демографическую

Таблица 1. Индексы генетического разнообразия в популяциях 15 пород домашних коз России и Индии (*Capra hircus*), рассчитанные на основе анализа нуклеотидной последовательности митохондриального гена *CytB*.

Table 1. Genetic diversity indices in populations of 15 Russian and Indian domestic goat (*Capra hircus*) breeds, calculated based on the analysis of the mitochondrial *CytB* gene nucleotide sequence.

Популяции	n	S	K	H	Hd ($\pm$ SEM)	π ($\pm$ SEM)	Tajima'D	Fu's Fs
ASL	9	3	1,222	3	0,556 $\pm$ 0,165	0,00107 $\pm$ 0,00032	0,40982ns	0,736ns
CHA	8	3	1,036	3	0,607 $\pm$ 0,164	0,00091 $\pm$ 0,00037	-0,43142ns	0,268ns
JAK	10	7	1,711	5	0,756 $\pm$ 0,130	0,00150 $\pm$ 0,00039	-1,30658ns	-0,960ns
JB	3	2	1,333	2	0,667 $\pm$ 0,314	0,00117 $\pm$ 0,00055	-	-
KAH	10	3	1,311	3	0,644 $\pm$ 0,101	0,00115 $\pm$ 0,00019	0,85041ns	1,021ns
KAN	9	10	2,500	5	0,806 $\pm$ 0,120	0,00219 $\pm$ 0,00069	-1,49216ns	-0,354ns
MAR	5	9	4,000	3	0,700 $\pm$ 0,218	0,00351 $\pm$ 0,00161	-0,52640ns	1,872
SAN	4	6	3,000	4	1,000 $\pm$ 0,177	0,00263 $\pm$ 0,00073	-	-
SUR	8	3	1,107	3	0,607 $\pm$ 0,164	0,00097 $\pm$ 0,00031	-0,17740ns	0,390ns.
TEL	4	2	1,000	2	0,500 $\pm$ 0,265	0,00088 $\pm$ 0,00047	-	-
UK	9	4	1,056	3	0,556 $\pm$ 0,165	0,00093 $\pm$ 0,00044	-1,14944ns	0,453ns
ALTM	16	27	5,400	11	0,942 $\pm$ 0,041	0,00474 $\pm$ 0,00084	-1,38259 ns	-2,588ns
KRCH	20	4	0,984	5	0,721 $\pm$ 0,072	0,00086 $\pm$ 0,00015	-0,36786ns	-1,155ns
OREN	20	7	1,763	12	0,879 $\pm$ 0,065	0,00155 $\pm$ 0,00023	-0,34982ns	-8,663**
SOVM	20	27	3,463	13	0,932 $\pm$ 0,039	0,00304 $\pm$ 0,00069	-2,12096*	-5,826*
Российские породы	76	41	2,953	34	0,902 $\pm$ 0,024	0,00260 $\pm$ 0,00035	-2,09006*	-29,928**
Индийские породы	79	21	2,001	15	0,760 $\pm$ 0,026	0,00176 $\pm$ 0,00021	-1,58981*	-5,340*
Всего	155	50	2,575	46	0,854 $\pm$ 0,019	0,00226 $\pm$ 0,00021	-2,16202**	-46,902**

Примечание. n — число образцов, S — число полиморфных сайтов, K — среднее число нуклеотидных различий, H — количество гаплотипов, Hd — гаплотипическое разнообразие, π — нуклеотидное разнообразие. ns, P > 0,05; *P < 0,05; **P < 0,01. Российские породы: ALTM — горноалтайская пуховая, KRCH — каракаевская, OREN — оренбургская пуховая, SOVM — советская шерстная. Индийские породы: ASL — Assam Hill, CHA — Changthangi, JAK — Jakharana, JB — Jharkhand Black, KAH — Kalahandi, KAN — Kanni Adu, MAR — Marwari, SAN — Sangamneri, SUR — Surti, TEL — Tellicherry, UK — Uttarakhand local.

⁴ Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. Molecular biology and evolution, 2016, 33(7): 1870-1874. (doi:10.1093/molbev/msw054).

⁵ Leigh J.W., Bryant D. Popart: Full-feature software for haplotype network construction. Methods in Ecology and Evolution, 2015, 6(9): 1110-1116. (doi: 10.1111/2041-210X.12410).

⁶ Lanfear R., Frandsen P.B., Wright A.M., Senfeld T., Calcott B. PartitionFinder 2: New Methods for Selecting Partitioned Models of Evolution for Molecular and Morphological Phylogenetic Analyses. Molecular biology and evolution, 2017, 34(3): 772-773. (doi: 10.1093/molbev/msw260. PMID: 28013191).

⁷ Excoffier L., Lischer H.E. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Molecular ecology resources, 2010, 10(3): 564-567. (doi:10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x).

⁸ Ronquist F., Teslenko M., van der Mark P., Ayres D.L., Darling A., Hohn S., Larget B., Liu L., Suchard M.A., Huelsenbeck J.P. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. Systematic biology, 2012, 61(3): 539-542. (doi: 10.1093/sysbio/sys029).

⁹ Molecular Evolution, Phylogenetics and Epidemiology. [(accessed on 25.12.2025)]; Available online: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>.
¹⁰ van Ravenzwaaij D., Cassey P., Brown S.D. A simple introduction to Markov Chain Monte-Carlo sampling. Psychon Bull Rev. 2018;25(1):143-154. doi:10.3758/s13423-016-1015-8

историю. Российские аборигенные породы, не подвергавшиеся интенсивной селекции, сохранили более древние и разнообразные генетические варианты [21]. В то время как для индийских популяций, помимо направленного отбора по хозяйственно-полезным признакам, следует также рассматривать такие сценарии, как эффект основателя при формировании многочисленных локальных пород и возможное «бутылочное горлышко» в их истории, что привело к потере редких аллелей.

Анализ тестов нейтральности подтверждает эти различия. Для российских пород выявлены статистически значимые отрицательные значения обоих тестов (Tajima's $D = -2,09006^*$; Fu's $F_s = -29,928^{**}$), что указывает на недавнюю демографическую экспансию. Это согласуется с высокими показателями гаплотипического и нуклеотидного разнообразия, а также с отсутствием длительного «бутылочного горлышка» в их истории.

Для индийских пород также выявлены статистически значимые отрицательные значения обоих тестов (Tajima's $D = -1,58981^*$; Fu's $F_s = -5,340^*$), что свидетельствует о недавней демографической экспансии. Однако выраженность сигнала экспансии заметно ниже, чем у российских пород (Fu's F_s : $-5,34$ против $-29,93$). Более умеренные отрицательные значения тестов нейтральности в сочетании с более низким нуклеотидным разнообразием ($\pi = 0,00176$) при сходном гаплотипическом разнообразии ($H_d = 0,760$) позволяют предположить, что индийские популяции пережили период сокращения численности (эффект основателя или «бутылочное горлышко») с последующей недавней экспансией. Это привело к восстановлению гаплотипического разнообразия при сохраненном дефиците нуклеотидного полиморфизма и более слабому сигналу экспансии в тестах нейтральности.

Анализ распределения парных нуклеотидных различий (mismatch distribution) (рисунок 1) выявил различия в демографической истории между группами. Для российских пород распределение оказалось мультимодальным с двумя пиками. Первый пик соответствует недавней демографической экспансии, второй — наличию более древних линий, сохранившихся в популяции. Это указывает на то, что недавняя экспансия российских пород не привела к полному вытеснению древних линий, что может быть следствием смешения двух генетически различных групп или поэтапного расширения численности. Для индийских пород, напротив, распределение было унимодальным, что является классическим признаком популяции, пережившей внезапную демографическую экспансию без сохранения выраженных древних компонентов.

Внутри регионов наблюдался значительный разброс показателей. Среди индийских пород высокое нуклеотидное разнообразие продемонстрировали породы MAR ($\pi = 0,00351$) и KAN ($\pi = 0,00219$), что свидетельствует о глубокой генетической дифференциации внутри этих популяций. Популяция TEL показала наименьшие значения как гаплотипического ($H_d = 0,500$), так и нуклеотидного разнообразия ($\pi = 0,00088$), однако в силу малого объема выборки ($n = 4$) этот вывод требует подтверждения на большем материале.

В группе российских пород наивысшие значения параметров генетического разнообразия были отмечены в породе ALTM ($H_d = 0,942$, $\pi = 0,00474$). Ее исключительно высокое нуклеотидное разнообразие почти в 5,5 раз превышало минимальное значение в выборке, которое показала KRCH ($\pi = 0,00086$). Породы SOVM и OREN также отличались высоким и умеренно-высоким разнообразием ($H_d = 0,932$, $\pi = 0,00304$ и $H_d = 0,879$, $\pi = 0,00155$) соответственно.

Рис. 1. График распределения частот значений парных различий между гаплотипами анализируемой последовательности гена *CytB* в популяциях 15 пород домашних коз (*Capra hircus*) России (А) и Индии (В).

Fig. 1. Mismatch distribution (frequency of pairwise differences) of the *CytB* gene haplotypes in populations of 15 domestic goat (*Capra hircus*) breeds from Russia (A) and India (B).

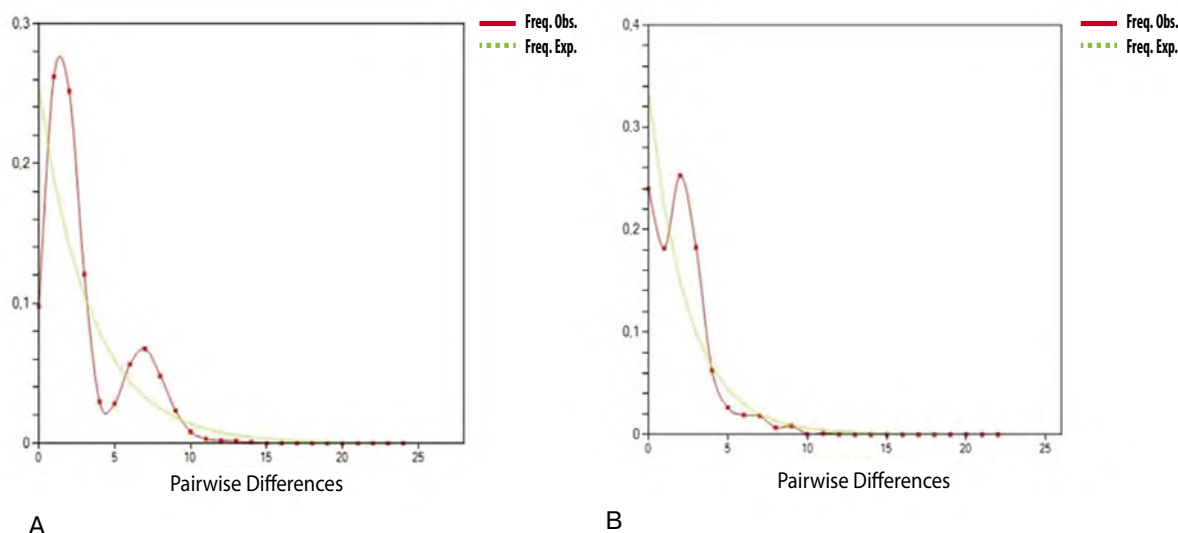


Таблица 2. Результаты AMOVA в популяциях 15 пород домашних коз России и Индии (*Capra hircus*), рассчитанные на основе анализа нуклеотидной последовательности митохондриального гена *CytB*

Table 2. Results of AMOVA in populations of 15 Russian and Indian domestic goat (*Capra hircus*) breeds, based on analysis of the mitochondrial cytochrome b (*CytB*) gene nucleotide sequence.

Источник вариаций	Степени свободы, d.f.	Сумма квадратов, SS	Компоненты дисперсии, VS	Процент вариации, V%
Межгрупповые различия	1	9,471	0,07978	5,93
Межпородные различия внутри группы	13	34,730	0,15913	11,82
Внутрипородные различия	140	155,044	1,10746	82,26
Общее	154	199,245	1,34636	

Результаты анализа AMOVA (таблица 2) демонстрируют наличие основной генетической дифференциации (82,26%) между особями внутри пород. Межпородные различия внутри двух основных групп (российские и зарубежные породы) вносят существенный, но меньший вклад (11,82%) в общую дисперсию. Наименьшая доля вариации (5,93%) обусловлена различиями между самими этими крупными группами, что указывает

на слабую генетическую дифференциацию между российскими и индийскими породами.

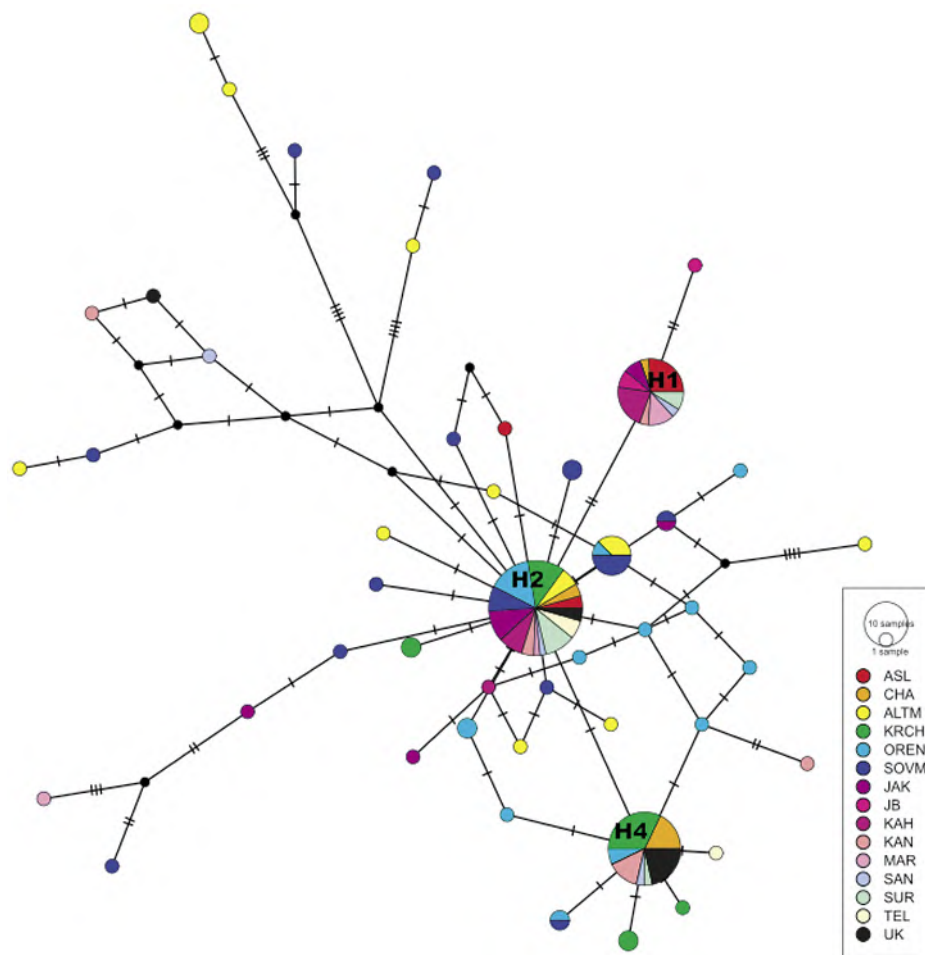
Результаты распределения генетической изменчивости (AMOVA) согласуются с данными других авторов, где также отмечается слабая филогеографическая структура коз Южной Индии, характерная для домашних коз (*Capra hircus*) [16].

На основании нуклеотидных последовательностей митохондриального гена *CytB* были построены

Рис. 2. Медианная сеть, характеризующая связи гаплотипов, идентифицированных у представителей 15 пород коз России и Индии

Fig. 2. Median-joining network illustrating the relationships among mitochondrial haplotypes identified in 15 Russian and Indian goat breeds.

Примечание. Российские породы: ALTM — горноалтайская пуховая, KRCH — карачаевская, OREN — оренбургская пуховая, SOVM — советская шерстная. Индийские породы: ASL — Assam Hill, CHA — Changthangi, JAK — Jakharana, JB — Jharkhand Black, KAH — Kalahandi, KAN — Kanni Adu, MAR — Marwari, SAN — Sangamneri, SUR — Surti, TEL — Tellicherry, UK — Uttarakhand local. Диаметр круга соответствует числу особей, принадлежащих к соответствующему гаплотипу. Число поперечных линий указывает на число нуклеотидных замен. Черные круги в точках ветвления сети обозначают гипотетические гаплотипы.



медианные сети гаплотипов, идентифицированные в изучаемых породах коз (рисунок 2), которые демонстрируют отсутствие филогеографической структуры.

Крупные центральные гаплотипы (H1, H2 и H4), вероятно, представляют собой предковые формы, общие для нескольких исследованных популяций. Популяции с высоким гаплотипическим разнообразием (ALTM, SOVM, MAR) образуют разветвленные кластеры с множественными производными гаплотипами. Популяции с низким генетическим разнообразием (TEL, UK, CHA) в структуре сети представлены минимальным набором гаплотипов, одним или двумя. Подобная звездообразная топология сети с центральными предковыми гаплотипами и множественными производными, наблюдаемая в нашем исследовании, характерна для популяций, переживших экспансию. Этот паттерн был описан, в частности, для индийских коз, где

Таблица 3. Распределение гаплогрупп среди исследуемых популяций коз

Table 3. Distribution of haplogroups among the studied goat populations

Популяции	Hap_A	Hap_B	Hap_C	Hap_D	Hap_G
ASL	3 гол (33,3 %)	6 гол (66,7 %)	–	–	–
CHA	7 гол (87,5 %)	1 гол (12,5 %)	–	–	–
JAK	8 гол (80,0 %)	2 гол (20,0 %)	–	–	–
JB	–	3 гол (100,0 %)	–	–	–
KAH	5 гол (50,0 %)	5 гол (50,0 %)	–	–	–
KAN	7 гол (77,8 %)	1 гол (11,1 %)	–	1 гол (11,1 %)	–
MAR	2 гол (40,0 %)	3 гол (60,0 %)	–	–	–
SAN	2 гол (50,0 %)	1 гол (25,0 %)	–	1 гол (25,0 %)	–
SUR	6 гол (75,0 %)	2 гол (25,0 %)	–	–	–
TEL	4 гол (100,0 %)	–	–	–	–
UK	8 гол (88,9 %)	–	–	1 гол (11,1 %)	–
ALTM	11 гол (68,75 %)	–	1 гол (6,25 %)	1 гол (6,25 %)	3 гол (18,75 %)
KRCH	20 гол (100,0 %)	–	–	–	–
OREN	20 гол (100,0 %)	–	–	–	–
SOVM	17 гол (85,0 %)	–	1 гол (5 %)	1 гол (5 %)	1 гол (5 %)
Российские породы	68 гол (89,5 %)	–	2 гол (2,6 %)	2 гол (2,6 %)	4 гол (5,3 %)
Индийские породы	52 гол (65,8 %)	24 гол (30,4 %)	–	3 гол (3,8 %)	–
Всего	120 гол (77,4 %)	24 гол (15,5 %)	2 гол (1,3 %)	5 гол (3,2 %)	4 гол (2,6 %)

Примечание: Hap_A — гаплогруппа A; Hap_B — гаплогруппа B; Hap_C — гаплогруппа C; Hap_D — гаплогруппа D; Hap_G — гаплогруппа G. Российские породы: ALTM — горноалтайская пуховая, KRCH — карачаевская, OREN — оренбургская пуховая, SOVM — советская шерстная. Индийские породы: ASL — Assam Hill, CHA — Changthangi, JAK — Jakharana, JB — Jharkhand Black, KAH — Kalahandi, KAN — Kanni Adu, MAR — Marwari, SAN — Sangamneri, SUR — Surti, TEL — Tellicherry, UK — Uttarakhand local.

он интерпретировался как признак демографического расширения популяции [16]. Таким образом, наличие общих узлов между удаленными популяциями может указывать не только на исторический поток генов, но и на общие процессы популяционной экспансии в прошлом.

Определение гаплогрупповой принадлежности с использованием программного обеспечения MitoToolPy выявило наличие в нашей выборке гаплогрупп A, B, C, D и G (Таблица 3). Доминирующей оказалась гаплогруппа A, которая обнаружена у 120 особей (77,4% от общего числа). На втором месте по распространенности находится гаплогруппа B (15,5%, 24 особи). Гаплогруппы C, D и G встречаются редко, составляя в сумме лишь 7,1% (11 особей). Выявленное доминирование гаплогруппы A согласуется с данными по другим регионам [23]. Например, в Южной Индии ее доля достигает 99,5% [15].

Анализ индийских пород в нашей выборке выявил наличие трех гаплогрупп: A, B и D. При этом гаплогруппа A сохраняет статус доминирующей с частотой 65,8%. Наблюдаемая картина полностью соотносится с выводами других исследований. В частности, масштабный анализ последовательностей D-петли митохондриальной ДНК также выявил у индийских коз наличие трех

гаплогрупп A, B и с доминированием (94,96%) гаплогруппы A [16]. Примечательно, что гаплогруппа B отсутствует в российских породах коз, что может говорить об ином происхождении индийских популяций.

Российские породы в нашем исследовании представлены наличием четырех гаплогрупп: A, C, D и G. Здесь также наблюдается абсолютное преобладание гаплогруппы A (89,5%). Полученное разнообразие и соотношение гаплогрупп согласуются с ранее опубликованными данными для российских пород [21].

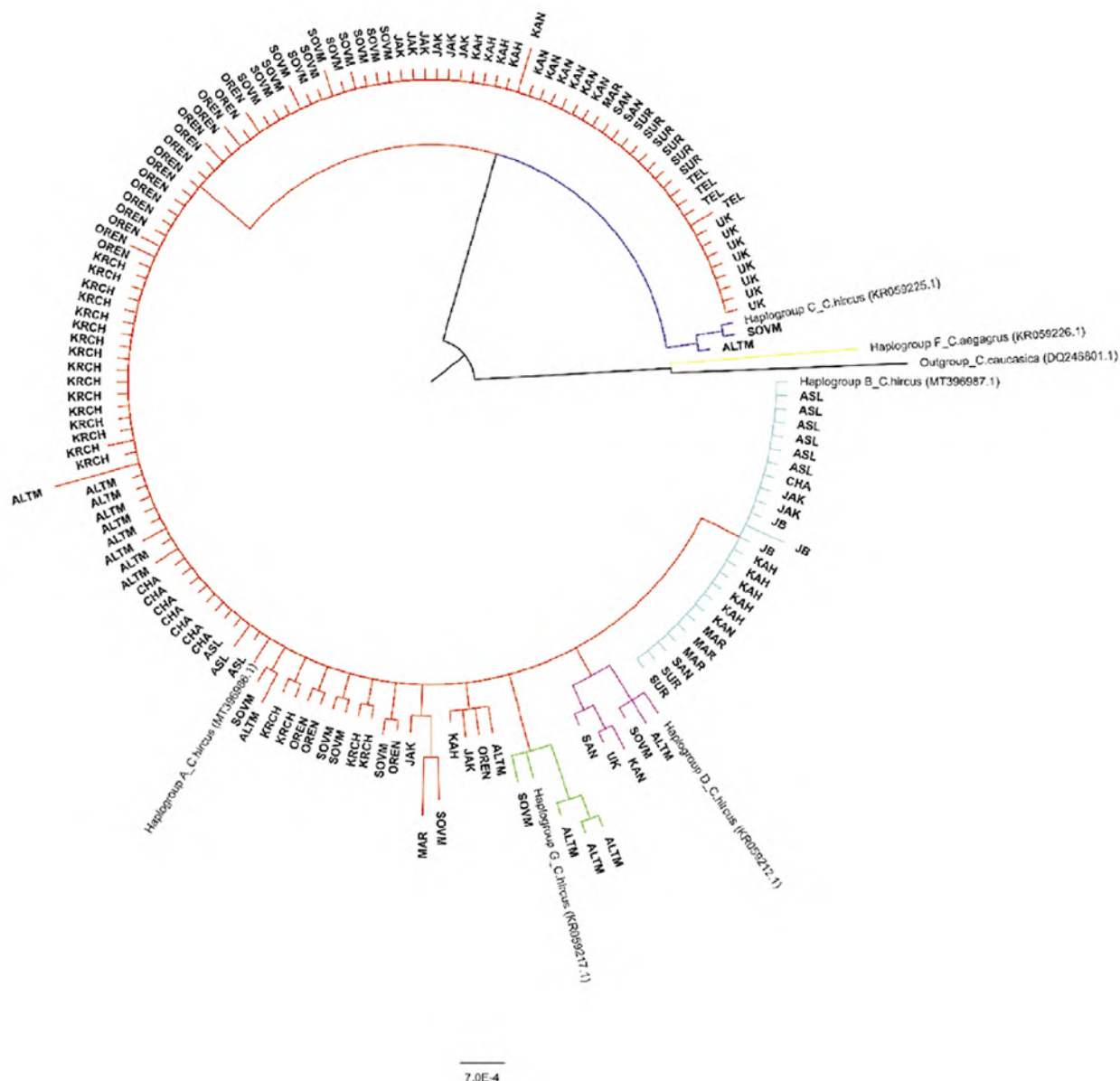
С целью визуализации гаплогрупповых отношений, выявленных в исследуемой выборке коз с помощью программы MrBayes 3.2.6, было построено байесовское филогенетическое дерево (рисунок 3).

Филогенетическое дерево, основанное на анализе последовательностей митохондриальной ДНК, демонстрирует отсутствие жесткой кластеризации коз по их породной или географической принадлежности. Исключением являются гаплогруппа B, обнаруженная лишь у индийских пород коз. Это указывает на широкий исторический обмен генами между популяциями, интенсивные миграционные процессы в ходе одомашнивания и распространения,

Рис. 3. Байесовское филогенетическое дерево, отражающее генетические связи представителей 15 пород коз России и Индии (*Capra hircus*) на основе анализа нуклеотидной последовательности митохондриального гена *CytB*

Fig. 3. Bayesian phylogenetic tree illustrating the genetic relationships among individuals from 15 Russian and Indian goat (*Capra hircus*) breeds based on analysis of the mitochondrial cytochrome b (*CytB*) gene nucleotide sequence.

Примечание. Российские породы: ALTM — горноалтайская пуховая, KRCH — карачаевская, OREN — оренбургская пуховая, SOVM — советская шерстная. Индийские породы: ASL — Assam Hill, CHA — Changthangi, JAK — Jakharana, JB — Jharkhand Black, KAH — Kalahandi, KAN — Kanni Adu, MAR — Marwari, SAN — Sangamneri, SUR — Surti, TEL — Tellicherry, UK — Uttarakhand local.



а также возможное многократное смешение генетических линий. Такая картина характерна для видов с высокой миграционной активностью и длительной историей одомашнивания, сопровождавшейся перемещением животных между регионами.

Выводы/Conclusions

На основании проведенного сравнительного анализа полиморфизма митохондриального гена *CytB* у 15 пород коз России и Индии можно сделать следующие выводы:

Выявленное несоответствие между сходным уровнем гаплотипического ($H_d = 0,902$ и $0,760$

у российских и индийских пород) и различающимся уровнем нуклеотидного разнообразия ($\pi = 0,00260$ у российских против $\pi = 0,00176$ у индийских пород коз) указывает на разные демографические сценарии развития козоводства в двух странах. Индийские породы, при общем богатстве линий, прошли через этапы более интенсивной дифференциации или отбора, что привело к снижению средних генетических дистанций между гаплотипами. Российские породы, напротив, демонстрируют признаки более длительной и независимой эволюции материнских линий в условиях меньшего селективного давления.

Выявлены значительные различия в уровне генетического разнообразия между отдельными породами внутри регионов. Среди российских пород максимальное разнообразие показала горноалтайская (ALTM), а минимальное — карачевская (KRCH). Среди индийских пород выделяются высокополиморфные популяции (MAR, KAN, SAN) и генетически однородные (TEL, UK), что отражает различную историю их формирования, интенсивность отбора и возможные «бутылочные горлышки».

Доминирующей митохондриальной гаплогруппой в обеих группах пород является гаплогруппа А (77,4% в общей выборке). При этом ее частота у российских пород достигает 89,5%, а у индийских — 65,8%. Гаплогруппа В обнаружена исключительно у индийских пород (30,4%), что указывает на различный материнский вклад в формирование генофондов и подтверждает сложную историю одомашнивания и миграций коз в Азии.

Филогенетический анализ не выявил жесткой кластеризации особей по географическому или породному принципу, за исключением обособления

гаплогруппы В. Это свидетельствует об интенсивном историческом потоке генов и общности происхождения исследованных популяций.

Результаты AMOVA подтвердили, что основная часть генетической изменчивости (82,26%) сосредоточена на внутривидовом уровне. Генетические различия между российскими и индийскими породами как группами минимальны (5,93%), что указывает на их слабую дифференциацию по митохондриальной ДНК и подтверждает гипотезу об общих корнях и активном историческом обмене.

Исследование подтвердило высокую информативность гена *Cytb*, как консервативного маркера для филогенетических и популяционно-генетических исследований коз, результаты которого согласуются с данными, полученными при анализе гипервариабельного региона D-петли.

Таким образом, проведенное исследование расширяет знания о генетическом разнообразии и филогенетических связях локальных пород коз Евразии, предоставляя важные данные для программ сохранения их генетических ресурсов и понимания истории доместикизации.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ:

Исследование выполнено за счет гранта № 24-46-02012 Российского научного фонда (<https://rscf.ru/project/24-46-02012/>)

FUNDING:

The research was supported by grant No. 24-46-02012 of the Russian Science Foundation (<https://rscf.ru/project/24-46-02012/>)

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. MacHugh D.E., Bradley D.G. Livestock genetic origins: Goats buck the trend. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2001; 98(10): 5382–5384. <https://doi.org/10.1073/pnas.111163198>
2. Joshi M.B., Rout P.K., Mandal A.K., Tyler-Smith C., Singh L., Thangaraj K. Phylogeography and Origin of Indian Domestic Goats. *Molecular Biology and Evolution*. 2004; 21(3): 454–462. <https://doi.org/10.1093/molbev/msh038>
3. Ahlawat S., Sharma R. Nuclear and Mitochondrial Marker-Based Diversity and Population Structuring of Indian Goats. Simões J., Gutiérrez C. (eds.). *Sustainable Goat Production in Adverse Environments*. Cham: Springer. 2017; 1: 489–507. https://doi.org/10.1007/978-3-319-71855-2_28
4. Кошкина О.А. и др. Оценка материнской изменчивости российских локальных пород овец на основе анализа полиморфизма гена цитохрома b. *Сельскохозяйственная биология*. 2021; 56(6): 1134–1147. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2021.6.1134rus>
5. Saeed B., Yousief M.Y., Abdulrda A.J., Ayied A.Y. Study of Local Black Iraqi Goats Genotypes for the *Cytb* Gene. *Archives of Razi Institute*. 2023; 78(3): 915–921. <https://doi.org/10.22092/ARI.2022.359888.2499>
6. Naderi S. *et al.* The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2008; 105(46): 17659–17664. <https://doi.org/10.1073/pnas.0804782105>
7. Colli L. *et al.* Whole mitochondrial genomes unveil the impact of domestication on goat matrilineal variability. *BMC Genomics*. 2015; 16(1): 1115. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-2342-2>
8. Sardina M.T. *et al.* Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. *Animal Genetics*. 2006; 37(4): 376–378. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2006.01451.x>

REFERENCES

1. MacHugh D.E., Bradley D.G. Livestock genetic origins: Goats buck the trend. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2001; 98(10): 5382–5384. <https://doi.org/10.1073/pnas.111163198>
2. Joshi M.B., Rout P.K., Mandal A.K., Tyler-Smith C., Singh L., Thangaraj K. Phylogeography and Origin of Indian Domestic Goats. *Molecular Biology and Evolution*. 2004; 21(3): 454–462. <https://doi.org/10.1093/molbev/msh038>
3. Ahlawat S., Sharma R. Nuclear and Mitochondrial Marker-Based Diversity and Population Structuring of Indian Goats. Simões J., Gutiérrez C. (eds.). *Sustainable Goat Production in Adverse Environments*. Cham: Springer. 2017; 1: 489–507. https://doi.org/10.1007/978-3-319-71855-2_28
4. Koshkina O.A. *et al.* A study of maternal variability of Russian local sheep breeds based on analysis of cytochrome b gene polymorphism. *Agricultural Biology*. 2021; 56(6): 1134–1147. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2021.6.1134eng>
5. Saeed B., Yousief M.Y., Abdulrda A.J., Ayied A.Y. Study of Local Black Iraqi Goats Genotypes for the *Cytb* Gene. *Archives of Razi Institute*. 2023; 78(3): 915–921. <https://doi.org/10.22092/ARI.2022.359888.2499>
6. Naderi S. *et al.* The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2008; 105(46): 17659–17664. <https://doi.org/10.1073/pnas.0804782105>
7. Colli L. *et al.* Whole mitochondrial genomes unveil the impact of domestication on goat matrilineal variability. *BMC Genomics*. 2015; 16(1): 1115. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-2342-2>
8. Sardina M.T. *et al.* Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. *Animal Genetics*. 2006; 37(4): 376–378. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2006.01451.x>

9. Masuko R. *et al.* Maternal and paternal lineage analysis of Island Southeast Asian goats reveals continental propagation routes and introgression through the Indian ocean. *Scientific reports*. 2025; 15: 9411. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-93651-9>

10. Naderi S. *et al.* Large-Scale Mitochondrial DNA Analysis of the Domestic Goat Reveals Six Haplogroups with High Diversity. *PLOS One*. 2007; 2(10): e1012. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0001012>

11. Chen S.-Y., Su Y.-H., Wu S.-F., Sha T., Zhang Y.-P. Mitochondrial diversity and phylogeographic structure of Chinese domestic goats. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2005; 37(3): 804–814. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.06.014>

12. Luikart G., Gielly L., Excoffier L., Vigne J.D., Bouvet J., Taberlet P. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2001; 98(10): 5927–5932. <https://doi.org/10.1073/pnas.091591198>

13. Liu R.-Y., Yang G.-S., Lei C.-Z. The Genetic Diversity of mtDNA D-loop and the Origin of Chinese Goats. *Acta Genetica Sinica*. 2006; 33(5): 420–428. [https://doi.org/10.1016/S0379-4172\(06\)60069-3](https://doi.org/10.1016/S0379-4172(06)60069-3)

14. Zeder M.A., Hesse B. The Initial Domestication of Goats (*Capra hircus*) in the Zagros Mountains 10,000 Years Ago. *Science*. 2000; 287(5461): 2254–2257. <https://doi.org/10.1126/science.287.5461.2254>

15. Kamalakkannan R., Jose J., Thomas S., Prabhu V.R., Nagarajan M. Genetic diversity and maternal lineages of south Indian goats. *Molecular Biology Reports*. 2018; 45(6): 2741–2748. <https://doi.org/10.1007/s11033-018-4322-5>

16. Diwedi J. *et al.* Comprehensive analysis of mitochondrial DNA based genetic diversity in Indian goats. *Gene*. 2020; 756: 144910. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2020.144910>

17. Абдельманова А.С. и др. Оценка динамики генетического разнообразия популяций оренбургской породы коз с использованием микросателлитных маркеров. *Достижения науки и техники АПК*. 2024; 38(9): 50–56. EDN RNHIGS

18. Кошкина О.А. и др. Идентификация полиморфных SNP в генах *IGF2BP2* и *BMPRI1B* у оренбургской и карачаевской пород коз. *Аграрная наука*. 2025; (9): 62–68. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-398-09-62-68>

19. Сермягин А.А. и др. Идентификация SNPs для показателей роста и развития коз (*Capra hircus* Linnaeus, 1758) из ресурсной популяции в возрастной динамике. *Сельскохозяйственная биология*. 2024; 59(4): 633–648. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2024.4.633rus>

20. Deniskova T.E. *et al.* Genetic Diversity in the Orenburg Goat Breed Revealed by Single-Nucleotide Polymorphism (SNP) Analysis: Initial Steps in Saving a Threatened Population. *Genes*. 2024; 15(11): 1375. <https://doi.org/10.3390/genes15111375>

21. Deniskova T., Bakoev N., Dotsev A., Selionova M., Zinovieva N. Maternal Origins and Haplotype Diversity of Seven Russian Goat Populations Based on the D-loop Sequence Variability. *Animals*. 2020; 10(9): 1603. <https://doi.org/10.3390/ani10091603>

22. Masuko R. *et al.* Comprehensive Phylogeographic Analysis Using mtDNA, SRY, and SNPs Markers Revealed Genetic Influence on Kyrgyzstan Goats via the Eurasian Steppe and the Oasis Routes. *Animal Science Journal*. 2025; 96(1): e70135. <https://doi.org/10.1111/asj.70135>

23. De A.K. *et al.* Peeping into Mitochondrial Diversity of Andaman Goats: Unveils Possibility of Maritime Transport with Diversified Geographic Signaling. *Genes*. 2023; 14(4): 784. <https://doi.org/10.3390/genes14040784>

ОБ АВТОРАХ

Ольга Андреевна Кошкина

кандидат биологических наук, научный сотрудник
i@koshkina-8.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4830-6626>

Татьяна Евгеньевна Денискова

кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник
horarka@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0002-5809-1262>

9. Masuko R. *et al.* Maternal and paternal lineage analysis of Island Southeast Asian goats reveals continental propagation routes and introgression through the Indian ocean. *Scientific reports*. 2025; 15: 9411. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-93651-9>

10. Naderi S. *et al.* Large-Scale Mitochondrial DNA Analysis of the Domestic Goat Reveals Six Haplogroups with High Diversity. *PLOS One*. 2007; 2(10): e1012. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0001012>

11. Chen S.-Y., Su Y.-H., Wu S.-F., Sha T., Zhang Y.-P. Mitochondrial diversity and phylogeographic structure of Chinese domestic goats. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2005; 37(3): 804–814. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.06.014>

12. Luikart G., Gielly L., Excoffier L., Vigne J.D., Bouvet J., Taberlet P. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2001; 98(10): 5927–5932. <https://doi.org/10.1073/pnas.091591198>

13. Liu R.-Y., Yang G.-S., Lei C.-Z. The Genetic Diversity of mtDNA D-loop and the Origin of Chinese Goats. *Acta Genetica Sinica*. 2006; 33(5): 420–428. [https://doi.org/10.1016/S0379-4172\(06\)60069-3](https://doi.org/10.1016/S0379-4172(06)60069-3)

14. Zeder M.A., Hesse B. The Initial Domestication of Goats (*Capra hircus*) in the Zagros Mountains 10,000 Years Ago. *Science*. 2000; 287(5461): 2254–2257. <https://doi.org/10.1126/science.287.5461.2254>

15. Kamalakkannan R., Jose J., Thomas S., Prabhu V.R., Nagarajan M. Genetic diversity and maternal lineages of south Indian goats. *Molecular Biology Reports*. 2018; 45(6): 2741–2748. <https://doi.org/10.1007/s11033-018-4322-5>

16. Diwedi J. *et al.* Comprehensive analysis of mitochondrial DNA based genetic diversity in Indian goats. *Gene*. 2020; 756: 144910. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2020.144910>

17. Abdelmanova A.S. *et al.* Assessment of the dynamics of genetic diversity of Orenburg goat breed populations by microsatellite markers. *Achievements of science and technology in agribusiness*. 2024; 38(9): 50–56 (in Russian). EDN RNHIGS

18. Koshkina O.A. *et al.* Identification of polymorphic SNPs in *IGF2BP2* and *BMPRI1B* genes in Orenburg and Karachay breeds of goats. *Agrarian science*. 2025; (9): 62–68 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-398-09-62-68>

19. Sermyagin A.A. *et al.* Identification of SNPs associated with growth and development traits of goats (*Capra hircus* Linnaeus, 1758) from the resource population in age dynamics. *Agricultural Biology*. 2024; 59(4): 633–648. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2024.4.633eng>

20. Deniskova T.E. *et al.* Genetic Diversity in the Orenburg Goat Breed Revealed by Single-Nucleotide Polymorphism (SNP) Analysis: Initial Steps in Saving a Threatened Population. *Genes*. 2024; 15(11): 1375. <https://doi.org/10.3390/genes15111375>

21. Deniskova T., Bakoev N., Dotsev A., Selionova M., Zinovieva N. Maternal Origins and Haplotype Diversity of Seven Russian Goat Populations Based on the D-loop Sequence Variability. *Animals*. 2020; 10(9): 1603. <https://doi.org/10.3390/ani10091603>

22. Masuko R. *et al.* Comprehensive Phylogeographic Analysis Using mtDNA, SRY, and SNPs Markers Revealed Genetic Influence on Kyrgyzstan Goats via the Eurasian Steppe and the Oasis Routes. *Animal Science Journal*. 2025; 96(1): e70135. <https://doi.org/10.1111/asj.70135>

23. De A.K. *et al.* Peeping into Mitochondrial Diversity of Andaman Goats: Unveils Possibility of Maritime Transport with Diversified Geographic Signaling. *Genes*. 2023; 14(4): 784. <https://doi.org/10.3390/genes14040784>

ABOUT THE AUTHORS

Olga Andreevna Koshkina

Candidate of Biological Sciences, Researcher
i@koshkina-8.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4830-6626>

Tatiana Evgenievna Deniskova

Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher
horarka@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0002-5809-1262>

Надежда Александровна Чурбакова
аспирант
churbakova.nadezda@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0006-1061-2715>

Анастасия Дмитриевна Соловьева
младший научный сотрудник;
anastasiya93@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-2628-9554>

Арсен Владимирович Доцев
кандидат биологических наук,
ведущий научный сотрудник
arsendotsev@vij.ru
<https://orcid.org/0000-0003-3418-2511>

Наталья Анатольевна Зиновьева
доктор биологических наук, профессор, академик
Российской академии наук
n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

Федеральный исследовательский центр
животноводства — ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста,
пос. Дубровицы, дом 60, г.о. Подольск, Московская обл.,
142132, Россия

Nadezhda Aleksandrovna Churbakova
Postgraduate
churbakova.nadezda@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0006-1061-2715>

Anastasiya Dmitrievna Solovieva,
Junior Researcher;
anastasiya93@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-2628-9554>

Arsen Vladimirovich Dotsev
Candidate of Biological Sciences,
Leading Researcher
arsendotsev@vij.ru
<https://orcid.org/0000-0003-3418-2511>

Natalia Anatolievna Zinovieva
Doctor of Biological Sciences, Professor, Academician
of the Russian Academy of Sciences
n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry,
60 Dubrovitsy, Podolsk Municipal District, Moscow Region,
142132, Russia



У МЕЖДУНАРОДНЫЙ ВЕТЕРИНАРНЫЙ ФОРУМ ПО СВИНОВОДСТВУ

24–25 июня 2026 г.

К участию в форуме приглашаются ветеринарные и зооинженерные специалисты агропромышленных и свиноводческих комплексов, холдингов и компаний, комбикормовых предприятий, федеральных и региональных органов управления АПК, отечественных и зарубежных фирм-производителей и поставщиков ветеринарных препаратов, представители отраслевых СМИ, ученые НИИ и вузов.

Организаторы:

- Международная промышленная академия
- Национальный союз свиноводов

Основные вопросы для обсуждения:

- Состояние и приоритетные направления в развитии свиноводства в России;
- Эпизоотическая ситуация по особо опасным болезням свиней (ящура, АЧС, КЧС) на территории континента Евразия и в сопредельных с РФ странах. Риски заноса возбудителей и мероприятия по его предотвращению;
- Основные экономически значимые болезни свиней (африканская чума свиней, репродуктивно-респираторный синдром свиней, грипп и некоторые другие), влияющие на эффективность производства;
- Современные программы кормления свиней. Поиск новых решений в кормлении свиней для достижения максимальной реализации генетического потенциала поголовья;
- Методы и приборы контроля качества и безопасности сырья и кормов для свиней;
- Состояние племенной базы в отечественном свиноводстве. Генетический потенциал на текущем этапе, дальнейшие перспективы для роста. Выведение новых линий свиней, устойчивых к основным экономически-значимым болезням;
- Гармонизация правил регистрации и обращения ветеринарных препаратов в странах ЕАЭС (вопросы регулирования евразийского рынка ветпрепаратов) — текущее состояние процесса;
- Новые законодательные акты в ветеринарии, учет животных, маркировка и правила обращения лекарственных средств — что показал первый период использования новых систем.

В рамках форума предусмотрены:

- Выставка отечественных и зарубежных фирм-производителей и поставщиков оборудования для свиноводства и ветеринарных препаратов, отраслевой научно-производственной и нормативно-технической литературы;
- Техническая экскурсия;
- Деловые встречи и переговоры.

Формат проведения:

В комбинированном режиме — офлайн (личное участие) и онлайн (видео-трансляция).

Место проведения:

Международная промышленная академия, 115093, г. Москва, 1-й Щипковский пер., д. 20.

Справки и заявки:

Международная промышленная академия
Зав. кафедрой отраслей животноводства и комбикормового производства, профессор Щербак О.Е.,
тел. (495) 959-71-06, scherbakovae@grainfood.ru
Доцент кафедры отраслей животноводства и комбикормового производства Агеева К.М., тел. (499) 235-48-27,
a8905777955@yandex.ru

Декан Карцева О.П., тел. (499) 235-95-79,
dekanat@grainfood.ru

Национальный союз свиноводов:

Главный эксперт по развитию отрасли Аксаян Г.С.,
тел.: (495) 690-53-17, (929) 901-89-49,
next@nssrf.ru