

Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 3. С. 95-112.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2026. Vol. 109. No. 3. P. 95-112.

Научная статья
УДК 636.39:636.082
doi: 10.33284/2658-3135-109-3-95

Исследование геномных особенностей коз горноалтайской пуховой и советской шерстной пород на основе дифференцирующих SNP

Татьяна Евгеньевна Денискова¹, Александра Сергеевна Абдельманова²,
Ольга Андреевна Кошкина³, Арсен Владимирович Доцев⁴, Наталия Анатольевна Зиновьева⁵
^{1,2,3,4,5}Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика
Л.К. Эрнста, Дубровицы, Россия
¹horarka@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5809-1262>
²abdelmanova@vij.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>
³olechka1808@list.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4830-6626>
⁴asnd@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3418-2511>
⁵n_zinovieva@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

Аннотация. Исследование посвящено поиску наиболее отличающихся однонуклеотидных полиморфизмов (SNPs) у коз горноалтайской пуховой и советской шерстной пород. С этой целью было проведено секвенирование полных геномов со средней глубиной покрытия 20X. Сравнительный анализ геномов двух пород коз проведен в два этапа. На первом этапе с использованием скользящего окна F_{ST} выявили регионы с максимальным средним значением F_{ST} в каждом окне. Далее внутри регионов отобраны SNP с максимальными значениями F_{ST} . Проведен расчет частот аллелей и генотипов в выявленных локусах для каждой породы. Идентифицированы фиксированные SNP: 2 (6_13558772 и 19_2003492) – у горноалтайской пуховой породы и 21_55792542 – у советской шерстной породы. В результате сравнительного анализа были выявлены как известные кандидаты, так и гены, чьи функции слабо изучены или не описаны ранее у коз (*APIAR*, *FICD*, *TRPC4AP*). Среди кандидатов были выявлены гены, связанные с молочной продуктивностью и липидным метаболизмом (*ACSS2*, *TOMIL2*), иммунитетом (*ALPK1*, *TIFA*, *CCDC88C*), репродуктивными функциями (*ALKBH5*, *MAD1L1*, *DRC3*), ростом и развитием (*MYH7B*), устойчивостью к стрессу (*ATPAF2*). Кроме того, были выявлены 14 однонуклеотидных полиморфизмов, наиболее сильно различающихся между изучаемыми породами коз. Наши результаты положили начало к дальнейшему изучению генетических механизмов, лежащих в основе адаптации и экономически важных признаков у пород коз, разводимых в России.

Ключевые слова: домашние козы, SNP, полные геномы, гены-кандидаты, следы селекции, генотипы

Благодарности: работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, проект № 24-46-02012.

Для цитирования: Исследование геномных особенностей коз горноалтайской пуховой и советской шерстной пород на основе дифференцирующих SNP / Т.Е. Денискова, А.С. Абдельманова, О.А. Кошкина, А.В. Доцев, Н.А. Зиновьева // Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 3. С. 95-112. [Deniskova TE, Abdelmanova AS, Koshkina OA, Dotsev AV, Zinovieva NA. A study of the genomic characteristics of goats of the Altai Mountain and Soviet Mohair breeds based on differentiating SNPs. Animal Husbandry and Fodder Production. 2026;109(3):95-112. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-3-95>

Original article

A study of the genomic characteristics of goats of the Altai Mountain and Soviet Mohair breeds based on differentiating SNPs

Tatyana E Deniskova¹, Alexandra S Abdelmanova², Olga A Koshkina³, Arsen V Dotsev⁴, Natalia A Zinovieva⁵

^{1,2,3,4,5}Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, Dubrovitsy, Russia

¹horarka@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5809-1262>

²abdelmanova@vij.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>

³olechka1808@list.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4830-6626>

⁴asnd@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3418-2511>

⁵n_zinovieva@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

Abstract. This study aimed to identify the most differentiating single-nucleotide polymorphisms (SNPs) in the Altai Mountain and Soviet Mohair goat breeds. For this purpose, whole-genome sequencing was performed with an average coverage depth of 20×. A comparative analysis of the genomes of the two goat breeds was conducted in two stages. In the first stage, regions with the highest mean F_{ST} value in each window were identified using a sliding F_{ST} window. Next, SNPs with the highest F_{ST} values were selected within these regions. Allele and genotype frequencies were calculated at the identified loci for each breed. Fixed SNPs were identified: two (6_13558772 and 19_2003492) in the Altai Mountain breed and one (21_55792542) in the Soviet Mohair breed. Comparative analysis revealed both known candidates and genes that were poorly studied or previously uncharacterized in goats (*APIAR*, *FICD*, and *TRPC4AP*). Among the candidates we found genes, which were associated with milk production and lipid metabolism (*ACSS2*, *TOMIL2*), immunity (*ALPK1*, *TIFA*, and *CCDC88C*), reproductive functions (*ALKBH5*, *MADIL1*, and *DRC3*), growth and development (*MYH7B*), and stress resistance (*ATPAF2*). Additionally, we identified 14 SNPs that significantly differed between the studied goat breeds. Our results pave the way for further studies of the genetic mechanisms underlying adaptation and economically important traits in goat breeds raised in Russia.

Keywords: domestic goats, SNPs, whole genome sequencing data, candidate genes, signatures of selection, genotypes

Acknowledgments: the work was supported by the Russian Science Foundation, Project No. 24-46-02012.

For citation: Deniskova TE, Abdelmanova AS, Koshkina OA, Dotsev AV, Zinovieva NA. A study of the genomic characteristics of goats of the Altai Mountain and Soviet Mohair breeds based on differentiating SNPs. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2026;109(3):95-112. (In Russ.]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-3-95>

Введение.

Козоводство – одна из традиционных отраслей животноводства, играющая важную роль в обеспечении народного хозяйства ценными видами сырья. Одним из главных достижений советской селекции стало создание двух выдающихся пород – горноалтайской пуховой и советской шерстной. Обе породы представляют собой яркие примеры успешной трансформации малопродуктивных местных животных в высокоценный генофонд с заданными хозяйственно-полезными признаками.

История создания горноалтайской пуховой породы началась в 1944 году в хозяйствах Горно-Алтайской автономной области. Исходным материалом послужили местные грубошерстные козы, отличавшиеся исключительной приспособленностью к круглогодовому пастбищному содержанию в высокогорье, но обладавшие низкой пуховой продуктивностью (начес пуха не превышал 150-200 г). Для сохранения выносливости и улучшения продуктивных качеств было применено поглотительное скрещивание с козлами придонской породы (Новопашина С.И. и Санников М.Ю.,

2007). Полученных помесей разводили «в себе», проводя жесткий отбор по длине, тонине и крепости пуха. На последующих этапах использовали «прилитие крови» козлов ангорской породы. Работа завершилась в 1982 году официальным утверждением породы. Горноалтайские пуховые козы имеют крепкую конституцию, высоту в холке 55-70 см и массу тела 65-75 кг – у козлов и 40-44 кг – у маток (Шайкенова К.Х. и др., 2025). Масть – преимущественно черная. Пух имеет длину 8-11 см, тонины 17-22 мкм, выход от массы невыттой шерсти – 75-85 %. Начес пуха у козлов достигает 1,25 кг, у маток – 500-800 г (Каргачакова Т.Б. и др., 2024). При этом животные сохранили способность к круглогодичному пастбищному содержанию в суровых условиях Горного Алтая, что является уникальным адаптивным свойством данной породы.

Иначе складывалась история советской шерстной породы. Работы по ее созданию разворачивались в 1936-1962 годах на территории среднеазиатских республик и Казахстана. Отправной точкой послужил завоз в СССР из США высококлассных козлов ангорской породы. Задача состояла в том, чтобы, скрещивая их с местными грубошерстными козами, получить популяцию, сочетающую высокий настриг и качество шерсти с неприхотливостью к кормовым и климатическим условиям. Скрещивание проводилось методом воспроизводительного кросса с последующим разведением помесей «в себе» по единой методике (Самбу-Хоо Ч.С. и Макарова Е.Ю., 2021). К 1962 году полученные в разных регионах популяции объединили в одну породу – советскую шерстную. Советские шерстные козы имеют крепкую конституцию, длинный массивный корпус, горбоносую голову и свислые уши. Высота в холке маток – 56-60 см, косая длина туловища – 70-75 см. Живая масса козлов достигает 55-65 кг, маток – 37-40 кг (Монгуш Б.М. и Ондар Н.К., 2025). Шерсть – белая, однородная, люстровая, по свойствам близка к мохеру. Длина шерсти – 18-20 см, тонины – 29-34 мкм (Сандак-Хуурак О.О. и Сат Ч.М., 2020). Настриг невыттой шерсти с козлов – 3-5 кг, с маток – 1,5-2,2 кг. Выход чистого волокна – 75-80 %. Важной особенностью породы является приспособленность к круглогодичному пастбищному содержанию в условиях пустынных и полупустынных пастбищ Средней Азии и Казахстана. Порода в настоящее время разводится в Казахстане и в Российской Федерации – преимущественно в Забайкальском крае и Республике Тыва (Ногаев А.А. и Серекпаев Н.А., 2022).

В современной зоотехнической науке все большее значение приобретают методы популяционной генетики, позволяющие заглянуть в историю пород, оценить их генетическое разнообразие и выявить молекулярные маркеры, ассоциированные с хозяйственно-полезными признаками. Ранее уже были проведены исследования генофонда коз Центральной и Средней Азии, выявившие низкий уровень генетических различий между популяциями (Бекетов С.В. и др., 2021). В связи с этим закономерен интерес исследователей к полногеномным данным отечественных пород коз, в частности, горноалтайской пуховой и советской шерстной. Высокая эффективность полногеномного подхода подтверждена исследованиями на овцах, где были выявлены геномные регионы, связанные с продуктивными качествами (Денискова Т.Е. и Абдельманова А.С., 2026). В настоящее время полные (референсные) геномы горноалтайской пуховой и советской шерстной пород коз в открытом доступе отсутствуют.

Однако имеются данные о генетических исследованиях этих пород, выполненных на уровне полногеномного генотипирования с использованием ДНК-чипов. Наиболее значимая работа в этой области была проведена 2021 году (Deniskova TE et al., 2021), в которой с использованием ДНК-чипа Illumina Goat SNP50 BeadChip были проанализированы образцы семи отечественных пород, включая горноалтайскую пуховую и советскую шерстную. Анализ позволил оценить генетическое разнообразие, структуру популяций и выявить протяженные участки гомозиготности (RON). При этом была обнаружена генетическая связь между оренбургской и горноалтайской пуховыми породами, а также следы примеси советской шерстной породы в генофонде дагестанских популяций. Филогенетический анализ подтвердил тесное родство российских пород с козами из Турции и Западной Азии, что указывает на общие пути распространения этих животных в прошлом.

Продолжением этого исследования стала работа по поиску следов селекции в геномах домашних коз, разводимых в России, с помощью идентификации островков гомозиготности (RON)

(Денискова Т.Е. и др., 2024). В ходе проведения исследования у горноалтайской пуховой и советской шерстной пород были выявлены геномные регионы на хромосомах CH12, CH18 и CH25, содержащие гены-кандидаты, ассоциированные с качеством пуха (*IFT88*, *CUX1*), молочной продуктивностью (*LATS2*), ростом (*SH2B2*) и адаптацией к гипоксии (*DDX28*).

Для горноалтайской пуховой породы имеются данные о полиморфизме гена *BLG* (бета-лактоглобулина), ассоциированного с молочной продуктивностью, а также о частотах аллелей и генотипов по группам крови (Гончаренко Г.М. и др., 2020). Кроме того, с использованием микросателлитных маркеров охарактеризованы основные показатели генетического разнообразия этой породы (Петров С.Н. и др., 2023).

Генетическое разнообразие советской шерстной породы коз охарактеризовано по микросателлитным маркерам (Петров С.Н. и др., 2023; Бекетов С.В. и др., 2021), а также по гену, ассоциированному с устойчивостью к скрепи (*PRNP*) (Петров С.Н. и др., 2025).

Цель исследования.

Выявить геномные регионы, находящиеся под давлением селекции, у коз горноалтайской пуховой и советской шерстной пород.

Материалы и методы исследования.

Объект исследования. Козы горноалтайской пуховой (n=21) и советской шерстной пород (n=22).

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями нормативных актов: протоколы Женевской конвенции и принципы надлежащей лабораторной практики (Национальный стандарт Российской Федерации ГОСТ Р 53434-2009). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов.

Схема эксперимента. Из ушных выщипов коз, сохраняемых в генетическом банке ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, с использованием коммерческого набора Экстран-2 («Синтол», Москва, Россия) была выделена ДНК. Проведена оценка качества растворов ДНК и пригодность для подготовки библиотек для секвенирования полных геномов.

Секвенирование последовательностей полных геномов 43 образцов коз двух пород проведено по технологии NGS.

Полученные данные секвенирования были выравнены и обработаны с использованием специализированного программного обеспечения. Были идентифицированы однонуклеотидные полиморфизмы (SNP), наиболее сильно различающиеся между горноалтайской пуховой и советской шерстной пород коз: рассчитана частота встречаемости аллелей и генотипов. Выявлены гены-кандидаты, расположенные в скользящих окнах, содержащих идентифицированные SNP.

Оборудование и технические средства. Исследования выполняли на базе оборудования центра коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. Качество полученных препаратов ДНК оценивали путем измерения концентрации двухцепочечной ДНК на флуориметре Qubit 3.0 (Thermo Fisher Scientific, США) и путем установления коэффициента поглощения A260/A280 на спектрофотометре NanoDrop2000 (Thermo Fisher Scientific, США) для оценки чистоты ДНК. Секвенирование полных геномов проводили по технологии NGS со средним покрытием генома 20X.

Статистическая обработка. Обработку данных секвенирования и визуализацию результатов проводили в программной среде R 3.5.0 ([http:// www.Rproject.org](http://www.Rproject.org)). Выравнивание на референсный геном *Capra hircus* ARS1 (GCA_001704415.1) проводили с помощью инструментов *bwamem2* (Vasimuddin M et al., 2019) и *SAMtools* (Danecsek P et al., 2021).

Для выявления локусов, наиболее сильно затронутых селекционным процессом и различающих две породы коз, использовали двухступенчатую стратегию. На первом этапе применяли метод скользящего окна: при сканировании всего генома выявляли регионы с максимальным средним

значением F_{ST} в каждом окне. Данный подход обладает высокой вычислительной эффективностью, что важно при работе с большими объемами данных полногеномного секвенирования, устойчив к выбросам и ложноположительным результатам. Однако его разрешающая способность ограничена, что создаёт риск пропуска значимых вариантов. На втором этапе внутри выявленных ранее регионов отбирали SNP с максимальными индивидуальными значениями F_{ST} . Этот метод – анализ по отдельным SNP – обладает высоким разрешением (до одного нуклеотида), но чувствителен к выбросам. Двухступенчатая схема позволила компенсировать ограничения каждого из методов.

Поиск генов-кандидатов осуществляли с помощью онлайн-инструментов BioMart – утилиты Ensembl genome browser 109. Генную онтологию анализировали с использованием онлайн-ресурса DAVID.

Результаты исследования.

Как показано на рисунке 1, наиболее различающиеся 49 SNP были выявлены на хромосомах 6, 11, 12, 13, 16, 17, 18, 19, 21, 24, 25, 27 и 29.

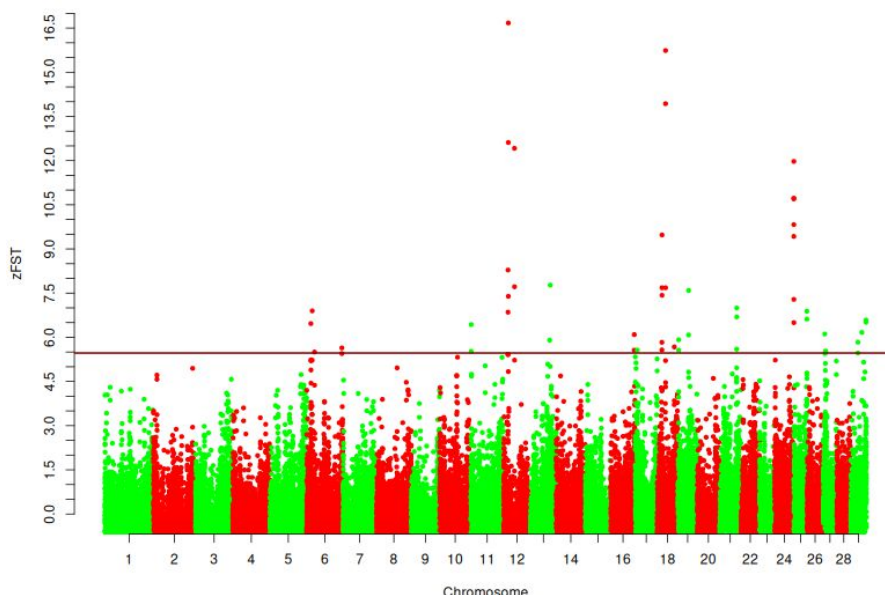


Рисунок 1. График Манхэттен, построенный на основе сравнительного анализа полных геномов коз горноалтайской пуховой и советской шерстной пород
Figure 1. Manhattan plot based on a comparative analysis of the whole genomes of Altai Mountain and Soviet Mohair goat breeds

Из 49 SNP выявлено 14 SNP, которые характеризовались наиболее высокими значениями F_{ST} – от 0,509523 до 0,678119 (табл. 1). В некоторых геномных регионах, по своим координатам соответствующих скользящим окнам, были выявлены гены на хромосомах 6, 13, 17, 19, 21, 25 и 27.

Как показано в таблице 2, путем проведения функциональной аннотации было выявлено, что некоторые идентифицированные гены достоверно объединялись в кластер ($P \leq 0,001$). В состав этого кластера входили гены, связанные с цитоскелетной двигательной активностью, комплексом миозина и со связыванием АТФ.

Таблица 1. Характеристика SNP, наиболее сильно различающихся между горноалтайской пуховой и советской шерстной породами коз

Table 1. Characteristics of SNPs that differ most significantly between the Altai Mountain and Soviet Mohair goat breeds

СНП ¹	Скользящее окно / <i>Sliding window</i>		SNP ²	F _{ST}	Гены / <i>Genes</i>
	начало / <i>Start</i>	конец / <i>End</i>			
6	13 500 001	13 600 000	6_13558772	0,639	<i>ALPK1, TIFA, APIAR</i>
11	1 400 001	1 500 000	11_1476637	0,614	Межгенное пространство / <i>Intergenic space</i>
13	63 800 001	63 900 000	13_63822256	0,510	<i>ACSS2, GSS, MYH7B, MIR499B, TRPC4AP</i>
17	6 600 001	6 700 000	17_6646406	0,576	<i>FICD, SART3</i>
19	1 950 001	2 050 000	19_1999458	0,567	Межгенное пространство / <i>Intergenic space</i>
19	34 150 001	34 250 000	19_34249228	0,555	<i>ALKBH5, MYO15A, DRG2, GID4, DRC3, ATPAF2, TOMIL2</i>
19	2 000 001	2 100 000	19_2003492	0,536	Межгенное пространство / <i>Intergenic space</i>
19	34 100 001	34 200 000	19_34177956	0,510	Межгенное пространство / <i>Intergenic space</i>
21	55 500 001	55 600 000	21_55571816	0,678	<i>CCDC88C</i>
21	55 700 001	55 800 000	21_55792542	0,520	<i>PPP4R3A</i>
25	41 800 001	41 900 000	25_41898695	0,676	<i>MAD1L1</i>
25	41 750 001	41 850 000	25_41835355	0,624	<i>SNX8, NUDT1, MRM2</i>
27	5 300 001	5 400 000	27_5308770	0,575	<i>RARB</i>
29	36 150 001	36 250 000	29_36240426	0,531	Межгенное пространство / <i>Intergenic space</i>

Примечание: ¹ – аутосома домашних коз (*Capra hircus*); ² – позиция SNP отражена в названии SNP

Note: ¹ – autosome of domestic goats (*Capra hircus*); ² – SNP position is reflected in SNP name

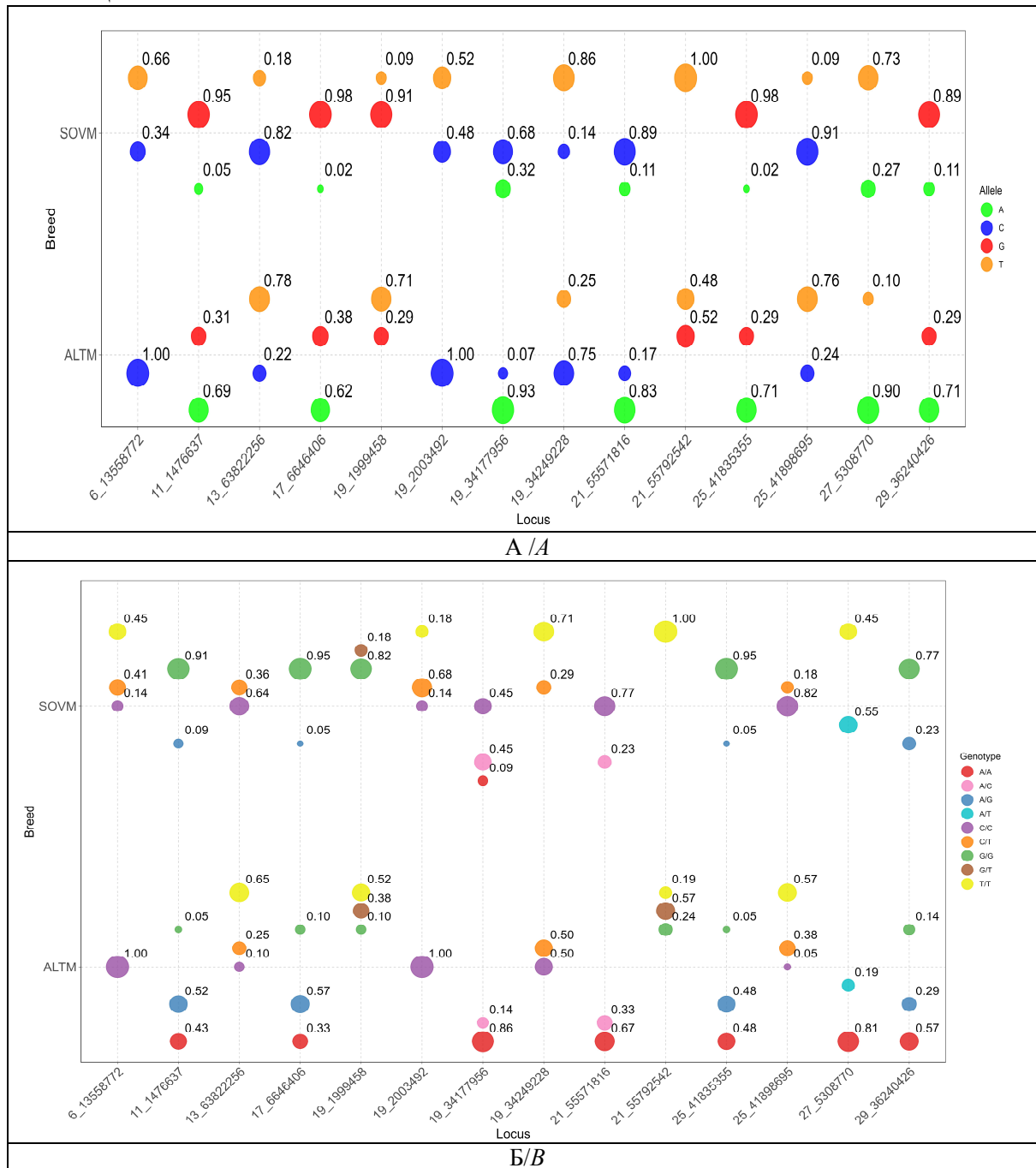
Таблица 2. Характеристика аннотационного кластера (степень насыщения 2,23)
Table 2. Characteristics of the annotation cluster (enrichment score 2.23)

Категория / <i>Category</i>	Термин геной онтологии / <i>Gene ontology term</i>	%	Гены / <i>Genes</i>
GOTERM_MF_DIRECT	cytoskeletal motor activity	13,04	<i>MYH7B, MYO15A, DRG2</i>
GOTERM_CC_DIRECT	myosin complex	13,04	<i>MYH7B, MYO15A, DRG2</i>
UP_SEQ_FEATURE	DOMAIN:Myosin motor	13,04	<i>MYH7B, MYO15A, DRG2</i>
INTERPRO	Myosin_head_motor_dom-like	13,04	<i>MYH7B, MYO15A, DRG2</i>
INTERPRO	Kinesin_motor_dom_sf	13,04	<i>MYH7B, MYO15A, DRG2</i>
GOTERM_MF_DIRECT	ATP binding	30,43	<i>MYH7B, ACSS2, FICD, MYO15A, GSS, DRG2, ALPK1</i>
INTERPRO	P-loop NTPase	13,04	<i>MYH7B, MYO15A, DRG2</i>

Примечание: GOTERM_MF (англ. molecular function, молекулярные функции) – классификация по специфической функции продукта гена на молекулярном уровне; GOTERM_CC (англ. cellular component, клеточные компоненты) – классификация по локализации в клетке или внеклеточном пространстве, где осуществляется функция продукта гена; GOTERM_BP (англ. biological process, биологические процессы) – классификация по комплексу процессов, обычно необходимому для жизнедеятельности организмов, в которых участвует продукт гена; термин геной онтологии – стандартизированный термин, описывающий функции генов, биологических процессов и клеточных компонентов, используемый для индексации в базах данных.

Note: GOTERM_MF (molecular function) is a classification based on the specific function of a gene product at the molecular level; GOTERM_CC (cellular component) is a classification based on the location in the cell or extracellular space where the gene product performs its function; GOTERM_BP (biological process) is a classification based on the complex of processes typically required for the vital activity of organisms in which the gene product participates; a gene ontology term is a standardized term describing the functions of genes, biological processes, and cellular components, used for indexing in databases.

На рисунке 2 представлено распределение аллелей и генотипов в четырнадцать наиболее различающихся SNP.



Породы различались по аллельным профилям. Установлено, что в выборке горноалтайской пуховой породы два SNP, а именно: 6_13558772 (генотип C/C) и 19_2003492 (генотип C/C) были мономорфными или фиксированными, в выборке советской шерстной таким SNP был 21_55792542 (генотип T/T).

Обсуждение полученных результатов.

В нашей работе поиск следов селекции в геномах коз горноалтайской пуховой породы был проведен на основе метода расчета значений F_{ST} . Значения F_{ST} , рассчитанные для 49 SNP, варьировали от 0,089 до 0,639. Нами были выбраны SNP, имеющие значения F_{ST} выше 0,5. Тем не менее Xiong J с коллегами (2023) классифицировали SNP с $F_{ST} \geq 0,17$ как индикаторы следов селекции при сравнении молочных пород коз. В исследованиях коз, разводимых на территории Египта, был отмечена большая вариация значений F_{ST} между наиболее различающимися SNP: от 0,35 до 0,41 между породой барки и дамасской; от 0,70 до 0,90 между нубийской и дамасской; от 0,93 до 0,96 между нубийской и бурской; от 0,82 до 0,91 между нубийской и барки; от 0,62 до 0,76 между дамасской и бурской (Sallam AM et al., 2023). В целом выбор SNP основывается на пороге отсечения в зависимости от генетической удаленности пород.

В скользящих окнах, содержащих таргетные SNP, были локализованы гены, среди которых были известные кандидаты, о которых ранее сообщалось у коз и других сельскохозяйственных животных. Ген *ACSS2* (acyl-CoA synthetase short chain family member 2) влияет на липогенез за счет синтеза ацетил-КоА из ацетата, играет важную роль в синтезе молочного жира (Mu T et al., 2021) и стероидов (Liu CL et al., 2024). Этот ген известный кандидат, связанный с молочной продуктивностью у коз, а именно: с количеством молочного жира. Так, например, этот ген был выявлен в результате поиска следов селекции, проведенного на основе последовательностей полных геномов для пяти молочных пород коз (зааненская, нубийская, альпийская, тоггенбургская и гуаньчжунская) (Xiong J et al., 2023). Сравнительный анализ профилей экспрессии в молочной железе коз, овец и коров в периоды лактации и вне лактации показал, что ген *ACSS2* может влиять на формирование специфического козьего привкуса в козьем молоке (Zhang F et al., 2022).

Ген *MYH7B* (myosin heavy chain 7B) находился под давлением селекции у китайских коз из долины реки Янцзы (Gao J et al., 2025) и связан с ростом и развитием скелетных мышц (Boon H et al., 2015; Yang P et al., 2024).

Ген *ALKBH5* (alkB homolog 5, RNA demethylase) влияет на рост семенников и развитие сперматогоний у козлов (Liu Z et al., 2022).

Ген *TOMIL2* (target of myb1 like 2 membrane trafficking protein) был ранее выявлен в островке ROH у овец из одиннадцати тибетских популяций и входил в группу консервативных генов (*ARHGEF16*, *PRDM16*, *PEMT*, *SREBF1*, *Rasd1*, *Nt5m*, *MED9*, *FLCN*, *RAI1*), связанных с липидным метаболизмом, лактацией и развитием, что подчеркивает их потенциальную значимость для формирования адаптивных качеств (Sun L et al., 2025). Кроме того, известна роль гена *TOMIL2* в формировании иммунного ответа и подавлении роста опухолей (Girirajan S et al., 2008).

Гены *ALPK1* (alpha kinase 1) и *TIFA* (TRAF interacting protein with forkhead associated domain) – это важные регуляторы клеточной дифференциации, участвующие в формировании врожденного иммунного ответа, адаптивного иммунитета и реакции на повреждение ДНК (Matsumura T et al., 2004; Zimmermann S et al., 2017). Интересно, что SNP в регионе на шестой хромосоме, прилегающем к этим генам, также характеризовались высокими значениями F_{ST} при сравнении четырех пород коз (нубийская, дамасская, барки и бурская) (Sallam AM et al., 2023).

Ген *ATPAF2* (ATP synthase mitochondrial F1 complex assembly factor 2) необходим для сборки АТФ-синтазы и окислительного фосфорилирования в митохондриях, тем самым играя важнейшую роль в поддержании структуры и функций сердца у животных (Zhou Z et al., 2021). По мнению Ma X et al. (2021), ген *ATPAF2* связан с формированием адаптаций и устойчивостью к стрессу.

Ген *DRC3* (dynein regulatory complex subunit 3) влияет на воспроизводительную способность самцов (Qin J et al., 2024). Ген *MADIL1* (mitotic arrest deficient 1 like 1) у овец входит в груп-

пу генов, регулирующих мейоз ооцитов (Zhao Y et al., 2026). Кроме того, известно, что этот ген был предложен в качестве потенциального кандидата, влияющего на число эмбрионов, производимых донором после проведения суперовуляции у крупного рогатого скота (Jaton C et al., 2018).

Ген *CCDC88C* (coiled-coil domain containing 88C) играет важную роль в регуляции созревания Т-клеток во время воспаления, вызванного бактериями (Kennedy JM et al., 2014). Транскриптомный анализ показал, что ген *CCDC88C* влияет на иммунную и кровеносную систему в отношении мужской фертильности у крупного рогатого скота (Fang L et al., 2020). Высказываются предположения, ген *CCDC88C* влияет на продуктивное долголетие (Freebern E et al., 2020), а также на формирование молочных форм и возраста первого осеменения у крупного рогатого скота (Jiang J et al., 2019). Кроме того, имеются сведения о том, что этот ген может быть связан с ростом и развитием крупного рогатого скота (Shinde H et al., 2025).

Ген *PPP4R3A* (protein phosphatase 4 regulatory subunit 3A) экспрессируется в различных тканях и органах, участвуя в многочисленных клеточных функциях, таких как пролиферация клеток, апоптоз и регуляция клеточного цикла (Hu Y et al., 2024). Этот ген влияет на рост и развитие крупного рогатого скота и характеризуется существенными различиями между породами крупного рогатого скота Юнлин и брахманской породы (Dang D et al., 2024).

Ген *SNX8* (sorting nexin 8) влияет на гуморальный иммунитет у цыплят (Suchocki T et al., 2021) и формирование врожденного иммунного ответа на цитозольную ДНК и ДНК-содержащие вирусы (Wei J et al., 2018).

Кроме того, выявлены гены, функции которых не полностью исследованы у сельскохозяйственных животных. Ген *RARB* (retinoic acid receptor beta) влияет на поддержание липидного гомеостаза (Muroya S et al., 2023). Ген *MYO15A* (myosin XVA) влияет на чувственное восприятие звука (Gwilliam K et al., 2024). Ген *DRG2* (developmentally regulated GTP binding protein 2) функционально связан с поддержанием костной массы путем контроля дифференцировки остеокластов и также регулирует дифференцировку адипоцитов (Park BS et al., 2021). У коз и других сельскохозяйственных животных функции гена *APIAR* (adaptor related protein complex 1 associated regulatory protein) не изучены. Тем не менее известно, что этот ген связан с активированием возбуждающей синаптической функции; увеличение его копий у мышей приводило к развитию депрессивного и тревожного состояния (Li S et al., 2024). Вероятно, этот ген может влиять на формирование темперамента животных. Ген *MIR499B* (microRNA 499b) влияет на репродуктивные способности человека (An HJ et al., 2025). Ген *FICD* (FIC domain protein adenylyltransferase) связан с развитием фибробластов в эмбрионах мышей под действием стресса (Gulen B et al., 2024).

Ген *TRPC4AP* (transient receptor potential cation channel subfamily C member 4 associated protein) связан с количеством сосков у свиней (Ke J et al., 2025). Кроме того, на примере мышей было показано, что мутации в гене *TRPC4AP* могут приводить к различным типам дефектов кожного покрова (DiTommaso T et al., 2014). Вероятно, это может указывать на то, что этот ген может вовлечен в регуляцию формирования нормального кожного покрова и даже шерсти у коз.

Кроме того, с помощью онлайн-платформы DAVID для некоторых генов, чьи специфические биологические функции были неизвестны для сельскохозяйственных животных, были установлены метаболические пути, в которые они вовлечены. Большинство из этих генов вовлечены в регуляцию внутриклеточных процессов. Ген *SART3* (spliceosome associated factor 3, U4/U6 recycling protein) участвует в клеточном морфогенезе, сборке нуклеосом, процессинге РНК и регуляции экспрессии генов. Ген *NUDT1* (nudix hydrolase 1) вовлечен в регуляцию катаболического процесса пуриновых нуклеозидов и защиту ДНК. Ген *MRM2* (mitochondrial rRNA methyltransferase 2) регулирует метилирование РНК и сборку большой субъединицы рибосомы митохондрий. Ген *GSS* (glutathione synthetase) вовлечен в процесс биосинтеза глутатиона. Ген *GID4* (GID complex subunit 4 homolog) регулирует опосредованный протеасомой убиквитин-зависимый процесс катаболизма белка.

Интересно, что в нашей работе не было выявлено известных функциональных кандидатов, связанных с ростом и развитием волосяных фолликулов, в геномах коз шерстного и пухового направления продуктивности. Вероятно, для выявления соответствующих кандидатов необходимо формировать более контрастные группы сравнения, что и будет проведено в наших следующих исследованиях.

Заключение.

Таким образом, впервые продемонстрированы результаты анализа геномных особенностей коз горноалтайской пуховой и советской шерстной пород. Выявлены наиболее различающиеся SNP, в том числе выявлены фиксированные локусы в обеих породах, которые могут быть рекомендованы для включения в породоспецифические панели маркеров. Нами были выявлены перспективные гены-кандидаты, связанные с другими важными биологическими характеристиками: молочной продуктивностью и липидным метаболизмом (*ACSS2*), ростом и развитием (*MYH7B*) и репродукцией (*ALKBH5*, *DRC3* и *MAD1L1*). Интересная группа генов, связанных с формированием адаптивной устойчивости к стрессу и регуляцией энергетического метаболизма (*ALPK1*, *TIFA*, *SNX8*, *CCDC88C*, *TOM1L2* и *ATPAF2*). Более тонкое исследование структуры этих генов, вероятно, может сыграть роль в понимании процессов высокой приспособляемости коз к неблагоприятным условиям разведения. Кроме того, перспективно изучение роли гена *TRPC4AP* в формировании кожного покрова и шерсти у коз. Некоторые гены требуют дальнейшего изучения для уточнения их роли в формировании хозяйственно-полезных признаков у коз. Например, функции генов *RARB*, *MYO15A*, *DRG2*, *APIAR*, *MIR499B* и *FICD* у других видов млекопитающих позволяют предположить их влияние на липидный обмен, функционирование нервной системы и темперамент, рост костей и развитие эмбрионов и у коз.

Список источников

1. Биологические и некоторые продуктивные особенности горноалтайских пуховых коз / Т.Б. Каргачакова, А.И. Чикалев, Ю.А. Юлдашбаев, В.А. Демин // Овцы, козы, шерстяное дело. 2024. № 3. С. 21-24. [Kargachakova TB, Chikalev AI, Yuldashbaev YuA, Demin VA. Biological and some economic features of Mountain Altai downy goats. Sheep, goats, wool business. 2024;3:21-24. (*In Russ.*)]. doi: 10.26897/2074-0840-2024-3-21-24
2. Генетическое разнообразие и филогения пуховых коз Центральной и Средней Азии / С.В. Бекетов, А.К. Пискунов, В.Н. Воронкова, С.Н. Петров, В. Р. Харзинова, А.В. Доцев, Н.А. Зиновьева, М.И. Селионова, Ю.А. Столповский // Генетика. 2021. Т. 57. № 7. С. 810-819. [Beketov SV, Piskunov AK, Voronkova VN, Petrov SN, Kharzinova VR, Dotsev AV, Zinovieva NA, Selionova MI, Stolpovsky YuA. Genetic diversity and phylogeny of fleece-bearing goats of Central and Middle Asia. Russian Journal of Genetics. 2021;57(7):810-819. (*In Russ.*)]. doi: 10.31857/S0016675821070031
3. Денискова Т.Е., Абдельманова А.С. Идентификация следов селекции в романовской породе овец на основании анализа гаплотипов // Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 1. С. 99-111. [Deniskova TE, Abdelmanova AS. Identification of selective sweeps in the Romanov sheep breed based on haplotype analysis. Animal Husbandry and Fodder Production. 2026;109(1):99-111. (*In Russ.*)]. doi: 10.33284/2658-3135-109-1-99
4. Монгуш Б.М., Ондар Г.К. Оценка экстерьера и сезонной динамики живой массы коз советской шерстной породы, разводимых в условиях УНПЦ «Животновод» ТувГУ // Тувинский государственный университет: 30 лет на пути к устойчивому развитию региона через науку, образование и культуру: материалы междунар. науч.-практ. конф., (г. Кызыл, 30 окт. 2025 г.). Кызыл: Изд-во ТувГУ. 2025. 251-255. [Mongush BM, Ondar GK. Ocenka ehkster'era i sezonnoj dinamiki zhivoj massy koz sovetskoj sherstnoj porody, razvodimyh v usloviyah UNPC «Zhivotnovod» TuvGU (Conference proceedings) Tuvinskij gosudarstvennyj universitet: 30 let na puti k ustojchivomu razvitiyu regiona cherez nauku, obrazovanie i kul'turu: materialy mezhdunar. nauch.-prakt. konf., (g. Kyzyl, 30 okt. 2025 g.). Kyzyl: Izd-vo TuvGU; 2025:251-255. (*In Russ.*)].

5. Новопашина С.И., Санников М.Ю. Сохранение придонской пуховой породы коз // Сборник научных трудов Ставропольского научно-исследовательского института животноводства и кормопроизводства. 2007. Т. 1. № 1-1. С. 121-123. [Novopashina SI, Sannikov MYu. Sokhranenie pridonskoy pukhovooy porody koz. Sbornik nauchnykh trudov Stavropol'skogo nauchno-issledovatel'skogo instituta zhivotnovodstva i kormoproizvodstva. 2007;1(1-1):121-123. (*In Russ.*)].
6. Ногаев А.А., Серекпаев Н.А. Козоводство – состояние и перспективы развития в Республике Казахстан и Акмолинской области // Вестник науки Казахского агротехнического университета им. С. Сейфуллина. 2022. № 2-2 (113). С. 22-35. [Nogayev AA, Serepayev NA. Goat breeding – the state and prospects of development in the Republic of Kazakhstan and the Akmola region. Herald of Science of S. Seifullin Kazakh Agrotechnical University. 2022;2-2(113):22-35. (*In Russ.*)]. doi: 10.51452/kazatu.2022.2(113).1066
7. Петров С.Н., Денискова Т.Е., Доцев А.В. Генетическая характеристика представителей рода *Capra* с использованием STR-маркеров // Достижения науки и техники АПК. 2023. Т. 37. № 9. С. 74-79. [Petrov SN, Deniskova TE, Dotsev AV. The use of STR markers for the genetic assessment of representatives of the genus *Capra*. Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex. 2023;37(9):74-79. (*In Russ.*)]. doi: 10.53859/02352451_2023_37_9_74
8. Поиск следов селекции в геномах домашних коз (*Capra hircus* L.), разводимых в России, с помощью идентификации островков гомозиготности / Т.Е. Денискова, А.В. Доцев, М.И. Селионова, А.-М.М. Айбазов, Н.А. Зиновьева // Сельскохозяйственная биология. 2024. Т. 59. № 4. С. 620-632. [Deniskova TE, Dotsev AV, Selionova MI, Aibazov A-MM, Zinovieva NA. Search for signatures of selection in the genomes of domestic goats (*Capra hircus* L.) raised in Russia using detection of ROH islands. Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]. 2024;59(4):620-632. (*In Russ.*)]. doi: 10.15389/agrobiology.2024.4.620rus doi: 10.15389/agrobiology.2024.4.620eng
9. Полиморфизмы в гене прионового белка (PRNP) у некоторых популяций коз России / С.Н. Петров, Т.Е. Денискова, Н.Ф. Бакоев, О.А. Кошкина // Достижения науки и техники АПК. 2025. Т. 39. № 3. С. 61-66. [Petrov SN, Deniskova TE, Bakoev NF, Koshkina OA. Polymorphisms in the prion protein gene (PRNP) in some goat populations of Russia. Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex. 2025;39(3):61-66. (*In Russ.*)]. doi: 10.53859/02352451_2025_39_3_61
10. Пуховая продуктивность и генотипические особенности по полиморфизму гена BLG и группам крови коз Горного Алтая / Г.М. Гончаренко, Т.Б. Каргачакова, Н.Б. Гришина, Т.С. Хорошилова, О.Л. Халина // Вестник университета биотехнологий. 2020. № 3. С. 94-101. [Goncharenko GM, Kargachakova TB, Grishina NB, Khoroshilova TS, Khalina OL. Down productivity and genotypic characteristics of BLG gene polymorphism and blood groups of goats in Gorny Altai. Vestnik University of Biotechnology. 2020;3:94-101. (*In Russ.*)]. doi: 10.31677/2072-6724-2020-56-3-94-101
11. Результаты изучения роста и развития коз горноалтайской пуховой породы, разводимых в условиях северо-востока Казахстана / К.Х. Шайкенова, Т. Ш. Асанбаев, М.К. Сәденова, Д.К. Ибраев, Л.М. Назарова, М.Е. Айсар // Вестник науки Казахского агротехнического исследовательского университета им. С. Сейфуллина: междисциплинарный. 2025. № 2(125). С. 75-83. [Shaikenova KH, Assanbayev TSh, Sadenova MK, Ibrayev DK, Nazarova LM, Aisar ME. Results of the study of growth and development of Mountain Altai downy breed goats bred in the north-east of Kazakhstan. Herald of science of S.Seifullin Kazakh agrotechnical university: Multidisciplinary. 2025;(2):75-83. (*In Russ.*)]. doi: 10.51452/kazatu.2025.2(125).1884
12. Самбу-Хоо Ч.С., Макарова Е.Ю. Повышение шерстной продуктивности коз советской шерстной породы тувинской популяции // Вестник КрасГАУ. 2021. № 7(172). С. 108-113. [Sambu-Hoo ChS, Makarova EYu. Tuvinian population soviet woolly breed goats' woolly productivity increase. Bulletin of KSAU. 2021;7(172):108-113. (*In Russ.*)]. doi: 10.36718/1819-4036-2021-7-108-113
13. Сандак-Хуурак О.О., Сат Ч.М. Шерстная продуктивность помесных коз советской шерстной породы с грубой и полугрубой шерстью в Республике Тува // Овцы, козы, шерстяное дело. 2020. № 1. С. 27-28. [Sandak-Huurak OO, Sat ChM. Sherstnaya produktivnost' pomesnykh koz so-

vetskoj sherstnoj porody s gruboj i polugruboj sherst'yu v Respublike Tuva. Sheep, Goats, Wool Business. 2020;1:27-28. (*In Russ.*)].

14. An HJ, Cho SH, Ryu CS, Ko EJ, Park HW, Kim YR, et al. Genetic associations of miRNA variants (miR-10a, miR-30c, miR-181a, miR-499b) with primary ovarian insufficiency in Korean women. *Maturitas*. 2025;191:108153. doi: 10.1016/j.maturitas.2024.108153

15. Boon H, Sjögren RJO, Massart J, Egan B, Kostovski E, Iversen PO, et al. MicroRNA-208b progressively declines after spinal cord injury in humans and is inversely related to myostatin expression. *Physiol Rep*. 2015;3(11):e12622. doi:10.14814/phy2.12622

16. Danecek P, Bonfield JK, Liddle J, Marshall J, Ohan V, Pollard MO, et al. Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience*. 2021;10(2):giab008. doi: 10.1093/gigascience/giab008

17. Dang D, Zhang L, Gao L, Peng L, Chen J, Yang L. Analysis of genomic copy number variations through whole-genome scan in Yunling cattle. *Front Vet Sci*. 2024;11:1413504. doi: 10.3389/fvets.2024.1413504

18. Deniskova TE, Dotsev AV., Selionova MI, Reyer H, Sölkner J, Fornara MS, et al. SNP-based genotyping provides insight into the West Asian origin of Russian local goats. *Frontiers in Genetics*. 2021;12:708740. doi: 10.3389/fgene.2021.708740

19. DiTommaso T, Jones LK, Cottle DL, WTSI Mouse Genetics Program, Gerdin AK, Vancollie VE, Watt FM, et al. Identification of genes important for cutaneous function revealed by a large scale reverse genetic screen in the mouse. *PLoS Genet*. 2014;10(10):e1004705. doi: 10.1371/journal.pgen.1004705

20. Fang L, Cai W, Liu S, Canela-Xandri O, Gao Y, Jiang J, et al. Comprehensive analyses of 723 transcriptomes enhance genetic and biological interpretations for complex traits in cattle. *Genome Res*. 2020;30(5):790-801. doi: 10.1101/gr.250704.119

21. Freebern E, Santos DJA, Fang L, Jiang J, Parker Gaddis KL, Liu GE, et al. GWAS and fine-mapping of livability and six disease traits in Holstein cattle. *BMC Genomics*. 2020;21(1):41. doi: 10.1186/s12864-020-6461-z

22. Gao J, Sun L, Liao R, Lyu Y, Zhang S, Xu J, et al. Genomic dissection of Chinese Yangtze River Delta white goat based on whole genome sequencing. *Animals (Basel)*. 2025;15(7):979. doi: 10.3390/ani15070979

23. Girirajan S, Hauck PM, Williams S, Vlangos CN, Szomju BB, Solaymani-Kohal S, et al. Tom1l2 hypomorphic mice exhibit increased incidence of infections and tumors and abnormal immunologic response. *Mamm Genome*. 2008;19(4):246-262. doi: 10.1007/s00335-008-9100-6

24. Gulen B, Blevins A, Kinch LN, Servage KA, Stewart NM, Gray HF, et al. FicD sensitizes cellular response to glucose fluctuations in mouse embryonic fibroblasts. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2024;121(38):e2400781121. doi: 10.1073/pnas.2400781121

25. Gwilliam K, Sperber M, Perry K, Rose KP, Ginsberg L, Paladugu N, et al. A cell type-specific approach to elucidate the role of miR-96 in inner ear hair cells. *Front Audiol Otol*. 2024;2:1400576. doi: 10.3389/fauot.2024.1400576

26. Hu Y, Han Z, Guo H, Zhang N, Shen N, Jiang Y, et al. Identification of a novel germline *PPP4R3A* missense mutation Asp409Asn on familial non-medullary thyroid carcinoma. *Biomedicines*. 2024;12(1):244. doi: 10.3390/biomedicines12010244

27. Jatón C, Schenkel FS, Sargolzaei M, Cánova A, Malchiodi F, Price CA, et al. Genome-wide association study and in silico functional analysis of the number of embryos produced by Holstein donors. *J Dairy Sci*. 2018;101(8):7248-7257. doi: 10.3168/jds.2017-13848

28. Jiang J, Cole JB, Freebern E, Da Y, VanRaden PM, Ma L. Functional annotation and Bayesian fine-mapping reveals candidate genes for important agronomic traits in Holstein bulls. *Commun Biol*. 2019;2(1):212. doi: 10.1038/s42003-019-0454-y

29. Ke J, Chen C, Fei J, Luo K, Cheng Y, Yu H, et al. Genome-wide analysis of genetic loci and candidate genes related to teat number traits in Dongliao black pigs. *Front Genet*. 2025;16:1593395. doi: 10.3389/fgene.2025.1593395

30. Kennedy JM, Fodil N, Torre S, Bongfen SE, Olivier J-F, Leung V, et al. *CCDC88B* is a novel regulator of maturation and effector functions of T cells during pathological inflammation. *J Exp Med*. 2014;211(13):2519-2535. doi: 10.1084/jem.20140455
31. Li S, Ni H, Wang Y, Wu X, Bi J, Ou H, et al. Gain of bipolar disorder-related lncRNA AP1AR-DT in mice induces depressive and anxiety-like behaviors by reducing *Negr1*-mediated excitatory synaptic transmission. *BMC Med*. 2024;22(1):543. doi: 10.1186/s12916-024-03725-0
32. Liu CL, Mou HL, Na RS, Wang X, Hu PF, Ceccobelli S, et al. Multiomic meta-analysis suggests a correlation between steroid hormone-related genes and litter size in goats. *Anim Genet*. 2024;55(5):779-787. doi: 10.1111/age.13464
33. Liu Z, Cai Y, Deng M, Li D, Leng Q, Shi L, et al. Expression pattern of *alkB* homolog 5 in goat testis and its role in spermatogonial stem cells. *Cell Tissue Res*. 2022;387(1):131-142. doi: 10.1007/s00441-021-03550-4
34. Ma X, Zhang Q, La Y, Fu D, Jiang H, Bao P, et al. Differential abundance of brain mitochondrial proteins in yak and cattle: a proteomics-based study. *Front Vet Sci*. 2021;8:663031. doi: 10.3389/fvets.2021.663031
35. Matsumura T, Semba K, Azuma S, Ikawa S, Gohda J, Akiyama T, Inoue J. TIFAB inhibits TIFA, TRAF-interacting protein with a forkhead-associated domain. *Biochem Biophys Res Commun*. 2004;317(1):230-234. doi: 10.1016/j.bbrc.2004.03.030
36. Mu T, Hu H, Ma Y, Feng X, Zhang J, Gu Y. Regulation of key genes for milk fat synthesis in ruminants. *Front Nutr*. 2021;8:765147. doi: 10.3389/fnut.2021.765147
37. Muroya S, Otomaru K, Oshima K, Oshima I, Ojima K, Gotoh T. DNA methylation of genes participating in hepatic metabolisms and function in fetal calf liver is altered by maternal undernutrition during gestation. *Int J Mol Sci*. 2023;24(13):10682. doi: 10.3390/ijms241310682
38. Park BS, Im HL, Yoon NA, Tu TH, Park JW, Kim JG, et al. Developmentally regulated GTP-binding protein-2 regulates adipocyte differentiation. *Biochem Biophys Res Commun*. 2021;578:1-6. doi: 10.1016/j.bbrc.2021.08.081
39. Qin J, Wang J, Chen J, Xu J, Liu S, Deng D, Li F. Homozygous variant in *DRC3* (*LRRC48*) gene causes asthenozoospermia and male infertility. *J Hum Genet*. 2024;69(8):401-409. doi: 10.1038/s10038-024-01253-6
40. Sallam AM, Reyer H, Wimmers K, Bertolini F, Aboul-Naga A, Braz CU, Rabee AE. Genome-wide landscape of runs of homozygosity and differentiation across Egyptian goat breeds. *BMC Genomics*. 2023;24(1):573. doi: 10.1186/s12864-023-09679-6
41. Shinde H, McLeod KR, Lehmkuhler JW. Identification of metabolic pathways and hub genes associated with ultrasound subcutaneous fat and muscle depth of the longissimus muscle in cull beef cows using gene co-expression analysis. *Animals (Basel)*. 2025;15(17):2636. doi: 10.3390/ani15172636
42. Suchocki T, Czech B, Dunislawska A, Slawinska A, Derebecka N, Wesoly J, et al. SNP prioritization in targeted sequencing data associated with humoral immune responses in chicken. *Poult Sci*. 2021;100(11):101433. doi: 10.1016/j.psj.2021.101433
43. Sun L, Yuan C, Guo T, Bai Y, Lu Z, Liu J. The accumulation of harmful genes within the ROH hotspot regions of the Tibetan sheep genome does not lead to genetic load. *BMC Genomics*. 2025;26(1):60. doi: 10.1186/s12864-025-11207-7
44. Vasimuddin M, Misra S, Li H, Aluru S. Efficient architecture-aware acceleration of BWA-MEM for multicore systems. 2019 IEEE International Parallel and Distributed Processing Symposium (IPDPS), Rio de Janeiro, Brazil, 20-24 May 2019. *IEEE*;2019:314-324. doi: 10.1109/IPDPS.2019.00041
45. Wei J, Lian H, Guo W, Chen YD, Zhang XN, Zang R, et al. SNX8 modulates innate immune response to DNA virus by mediating trafficking and activation of MITA. *PLoS Pathog*. 2018;14(10):e1007336. doi: 10.1371/journal.ppat.1007336
46. Xiong J, Bao J, Hu W, Shang M, Zhang L. Whole-genome resequencing reveals genetic diversity and selection characteristics of dairy goat. *Front Genet*. 2023;13:1044017. doi: 10.3389/fgene.2022.1044017

47. Yang P, Shang M, Bao J, Liu T, Xiong J, Huang J, et al. Whole-genome resequencing revealed selective signatures for growth traits in Hu and Gangba sheep. *Genes*. 2024;15(5):551. doi: 10.3390/genes15050551
48. Zhang F, Luo J, Shi C, Zhu L, He Q, Tian H, et al. Genome-wide analysis of the acyl-coenzyme A synthetase family and their association with the formation of goat milk flavour. *Front Genet*. 2022;13:980463. doi: 10.3389/fgene.2022.980463
49. Zhao Y, Zhang X, Li F, Tian H, Zhang D, Li X, et al. The changes in genetic parameters and genomic selection of lambing rate in Hu sheep following marker-assisted selection. *J Anim Breed Genet*. 2026;143(3):465-478. doi: 10.1111/jbg.70036
50. Zhou Z, Zhang K, Liu Z, Gao X, Huang K, Chen C, et al. ATPAF1 deficiency impairs ATP synthase assembly and mitochondrial respiration. *Mitochondrion*. 2021;60:129-141. doi: 10.1016/j.mito.2021.08.005
51. Zimmermann S, Pfannkuch L, Al-Zeer MA, Bartfeld S, Koch M, Liu J, et al. ALPK1- and TIFA-dependent innate immune response triggered by the *Helicobacter pylori* type IV secretion system. *Cell Rep*. 2017;20(10):2384-2395. doi: 10.1016/j.celrep.2017.08.039

References

1. Kargachakova TB, Chikalev AI, Yuldashbaev YuA, Demin VA. Biological and some economic features of Mountain Altai downy goats. Sheep, goats, wool business. 2024;3:21-24. doi: 10.26897/2074-0840-2024-3-21-24
2. Beketov SV, Piskunov AK, Voronkova VN, Petrov SN, Kharzinova VR, Dotsev AV, Zinovieva NA, Selionova MI, Stolpovsky YuA. Genetic diversity and phylogeny of fleece-bearing goats of Central and Middle Asia. *Russian Journal of Genetics*. 2021;57(7):810-819. doi: 10.31857/S0016675821070031
3. Deniskova TE, Abdelmanova AS. Identification of selective sweeps in the Romanov sheep breed based on haplotype analysis. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2026;109(1):99-111. doi: 10.33284/2658-3135-109-1-99
4. Mongush BM, Ondar GK. Assessment of the exterior and seasonal dynamics of the live weight of Soviet Mohair goats bred in the conditions of the ESPC "Zhivotnovod" TuvSU (Conference proceedings) Tuva State University: 30 years on the way to sustainable development of the region through science, education and culture: materials of the International Scientific and practical conference, (Kyzyl, October 30, 2025). Kyzyl: TuvSU Publishing House. 2025:251-255.
5. Novopashina SI, Sannikov MYu. Conservation of the Pridonskaya Down goat breed. Collected Scientific Papers of the Stavropol Research Institute of Animal Husbandry and Fodder Production. 2007;1(1-1):121-123.
6. Nogayev AA, Serepayev NA. Goat breeding – the state and prospects of development in the Republic of Kazakhstan and the Akmola region. *Herald of Science of S. Seifullin Kazakh Agrotechnical University*. 2022;2-2(113):22-35. doi: 10.51452/kazatu.2022.2(113).1066
7. Petrov SN, Deniskova TE, Dotsev AV. The use of STR markers for the genetic assessment of representatives of the genus *Capra*. *Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex*. 2023;37(9):74-79. doi: 10.53859/02352451_2023_37_9_74
8. Deniskova TE, Dotsev AV, Selionova MI, Aibazov A-MM, Zinovieva NA. Search for signatures of selection in the genomes of domestic goats (*Capra hircus* L.) raised in Russia using detection of ROH islands. *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]*. 2024;59(4):620-632. doi: 10.15389/agrobiology.2024.4.620rus doi: 10.15389/agrobiology.2024.4.620eng
9. Petrov SN, Deniskova TE, Bakoev NF, Koshkina OA. Polymorphisms in the prion protein gene (PRNP) in some goat populations of Russia. *Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex*. 2025;39(3):61-66. doi: 10.53859/02352451_2025_39_3_61

10. Goncharenko GM, Kargachakova TB, Grishina NB, Khoroshilova TS, Khalina OL. Down productivity and genotypic characteristics of BLG gene polymorphism and blood groups of goats in Gorny Altai. *Vestnik University of Biotechnology*. 2020;3:94-101. doi: 10.31677/2072-6724-2020-56-3-94-101
11. Shaikenova KH, Assanbayev TSh, Sadenova MK, Ibrayev DK, Nazarova LM, Aisar ME. Results of the study of growth and development of Mountain Altai downy breed goats bred in the north-east of Kazakhstan. *Herald of science of S.Seifullin Kazakh agrotechnical university: Multidisciplinary*. 2025;(2):75-83. doi: 10.51452/kazatu.2025.2(125).1884
12. Sambu-Hoo ChS, Makarova EYu. Tuvian population soviet woolly breed goats' woolly productivity increase. *Bulletin of KSAU*. 2021;7(172):108-113. doi: 10.36718/1819-4036-2021-7-108-113
13. Sandak-Huurak OO, Sat ChM. Wool productivity of crossbred Soviet Mohair breed of goats with coarse and semi-coarse wool in the Republic of Tuva. *Sheep, Goats, Wool Business*. 2020;1:27-28.
14. An HJ, Cho SH, Ryu CS, Ko EJ, Park HW, Kim YR, et al. Genetic associations of miRNA variants (miR-10a, miR-30c, miR-181a, miR-499b) with primary ovarian insufficiency in Korean women. *Maturitas*. 2025;191:108153. doi: 10.1016/j.maturitas.2024.108153
15. Boon H, Sjögren RJO, Massart J, Egan B, Kostovski E, Iversen PO, et al. MicroRNA-208b progressively declines after spinal cord injury in humans and is inversely related to myostatin expression. *Physiol Rep*. 2015;3(11):e12622. doi:10.14814/phy2.12622
16. Danecek P, Bonfield JK, Liddle J, Marshall J, Ohan V, Pollard MO, et al. Twelve years of SAMtools and BCFtools. *GigaScience*. 2021;10(2):giab008. doi: 10.1093/gigascience/giab008
17. Dang D, Zhang L, Gao L, Peng L, Chen J, Yang L. Analysis of genomic copy number variations through whole-genome scan in Yunling cattle. *Front Vet Sci*. 2024;11:1413504. doi: 10.3389/fvets.2024.1413504
18. Deniskova TE, Dotsev AV., Selionova MI, Reyer H, Sölkner J, Fornara MS, et al. SNP-based genotyping provides insight into the West Asian origin of Russian local goats. *Frontiers in Genetics*. 2021;12:708740. doi: 10.3389/fgene.2021.708740
19. DiTommaso T, Jones LK, Cottle DL, WTSI Mouse Genetics Program, Gerdin AK, Vancollie VE, Watt FM, et al. Identification of genes important for cutaneous function revealed by a large scale reverse genetic screen in the mouse. *PLoS Genet*. 2014;10(10):e1004705. doi: 10.1371/journal.pgen.1004705
20. Fang L, Cai W, Liu S, Canela-Xandri O, Gao Y, Jiang J, et al. Comprehensive analyses of 723 transcriptomes enhance genetic and biological interpretations for complex traits in cattle. *Genome Res*. 2020;30(5):790-801. doi: 10.1101/gr.250704.119
21. Freebern E, Santos DJA, Fang L, Jiang J, Parker Gaddis KL, Liu GE, et al. GWAS and fine-mapping of livability and six disease traits in Holstein cattle. *BMC Genomics*. 2020;21(1):41. doi: 10.1186/s12864-020-6461-z
22. Gao J, Sun L, Liao R, Lyu Y, Zhang S, Xu J, et al. Genomic dissection of Chinese Yangtze River Delta white goat based on whole genome sequencing. *Animals (Basel)*. 2025;15(7):979. doi: 10.3390/ani15070979
23. Girirajan S, Hauck PM, Williams S, Vlangos CN, Szomju BB, Solaymani-Kohal S, et al. Tom1l2 hypomorphic mice exhibit increased incidence of infections and tumors and abnormal immunologic response. *Mamm Genome*. 2008;19(4):246-262. doi: 10.1007/s00335-008-9100-6
24. Gulen B, Blevins A, Kinch LN, Servage KA, Stewart NM, Gray HF, et al. FicD sensitizes cellular response to glucose fluctuations in mouse embryonic fibroblasts. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2024;121(38):e2400781121. doi: 10.1073/pnas.2400781121
25. Gwilliam K, Sperber M, Perry K, Rose KP, Ginsberg L, Paladugu N, et al. A cell type-specific approach to elucidate the role of miR-96 in inner ear hair cells. *Front Audiol Otol*. 2024;2:1400576. doi: 10.3389/fauot.2024.1400576

26. Hu Y, Han Z, Guo H, Zhang N, Shen N, Jiang Y, et al. Identification of a novel germline *PPP4R3A* missense mutation Asp409Asn on familial non-medullary thyroid carcinoma. *Biomedicines*. 2024;12(1):244. doi: 10.3390/biomedicines12010244
27. Jatón C, Schenkel FS, Sargolzaei M, Cánova A, Malchiodi F, Price CA, et al. Genome-wide association study and in silico functional analysis of the number of embryos produced by Holstein donors. *J Dairy Sci*. 2018;101(8):7248-7257. doi: 10.3168/jds.2017-13848
28. Jiang J, Cole JB, Freebern E, Da Y, VanRaden PM, Ma L. Functional annotation and Bayesian fine-mapping reveals candidate genes for important agronomic traits in Holstein bulls. *Commun Biol*. 2019;2(1):212. doi: 10.1038/s42003-019-0454-y
29. Ke J, Chen C, Fei J, Luo K, Cheng Y, Yu H, et al. Genome-wide analysis of genetic loci and candidate genes related to teat number traits in Dongliao black pigs. *Front Genet*. 2025;16:1593395. doi: 10.3389/fgene.2025.1593395
30. Kennedy JM, Fodil N, Torre S, Bongfen SE, Olivier J-F, Leung V, et al. *CCDC88B* is a novel regulator of maturation and effector functions of T cells during pathological inflammation. *J Exp Med*. 2014;211(13):2519-2535. doi: 10.1084/jem.20140455
31. Li S, Ni H, Wang Y, Wu X, Bi J, Ou H, et al. Gain of bipolar disorder-related lncRNA *AP1AR-DT* in mice induces depressive and anxiety-like behaviors by reducing *Negr1*-mediated excitatory synaptic transmission. *BMC Med*. 2024;22(1):543. doi: 10.1186/s12916-024-03725-0
32. Liu CL, Mou HL, Na RS, Wang X, Hu PF, Ceccobelli S, et al. Multiomic meta-analysis suggests a correlation between steroid hormone-related genes and litter size in goats. *Anim Genet*. 2024;55(5):779-787. doi: 10.1111/age.13464
33. Liu Z, Cai Y, Deng M, Li D, Leng Q, Shi L, et al. Expression pattern of *alkB* homolog 5 in goat testis and its role in spermatogonial stem cells. *Cell Tissue Res*. 2022;387(1):131-142. doi: 10.1007/s00441-021-03550-4
34. Ma X, Zhang Q, La Y, Fu D, Jiang H, Bao P, et al. Differential abundance of brain mitochondrial proteins in yak and cattle: a proteomics-based study. *Front Vet Sci*. 2021;8:663031. doi: 10.3389/fvets.2021.663031
35. Matsumura T, Semba K, Azuma S, Ikawa S, Gohda J, Akiyama T, Inoue J. TIFAB inhibits TIFA, TRAF-interacting protein with a forkhead-associated domain. *Biochem Biophys Res Commun*. 2004;317(1):230-234. doi: 10.1016/j.bbrc.2004.03.030
36. Mu T, Hu H, Ma Y, Feng X, Zhang J, Gu Y. Regulation of key genes for milk fat synthesis in ruminants. *Front Nutr*. 2021;8:765147. doi: 10.3389/fnut.2021.765147
37. Muroya S, Otomaru K, Oshima K, Oshima I, Ojima K, Gotoh T. DNA methylation of genes participating in hepatic metabolisms and function in fetal calf liver is altered by maternal undernutrition during gestation. *Int J Mol Sci*. 2023;24(13):10682. doi: 10.3390/ijms241310682
38. Park BS, Im HL, Yoon NA, Tu TH, Park JW, Kim JG, et al. Developmentally regulated GTP-binding protein-2 regulates adipocyte differentiation. *Biochem Biophys Res Commun*. 2021;578:1-6. doi: 10.1016/j.bbrc.2021.08.081
39. Qin J, Wang J, Chen J, Xu J, Liu S, Deng D, Li F. Homozygous variant in *DRC3* (*LRRC48*) gene causes asthenozoospermia and male infertility. *J Hum Genet*. 2024;69(8):401-409. doi: 10.1038/s10038-024-01253-6
40. Sallam AM, Reyer H, Wimmers K, Bertolini F, Aboul-Naga A, Braz CU, Rabee AE. Genome-wide landscape of runs of homozygosity and differentiation across Egyptian goat breeds. *BMC Genomics*. 2023;24(1):573. doi: 10.1186/s12864-023-09679-6
41. Shinde H, McLeod KR, Lehmkuhler JW. Identification of metabolic pathways and hub genes associated with ultrasound subcutaneous fat and muscle depth of the longissimus muscle in cull beef cows using gene co-expression analysis. *Animals (Basel)*. 2025;15(17):2636. doi: 10.3390/ani15172636
42. Suchocki T, Czech B, Dunisławska A, Ślawinska A, Derebecka N, Wesoly J, et al. SNP prioritization in targeted sequencing data associated with humoral immune responses in chicken. *Poult Sci*. 2021;100(11):101433. doi: 10.1016/j.psj.2021.101433

43. Sun L, Yuan C, Guo T, Bai Y, Lu Z, Liu J. The accumulation of harmful genes within the ROH hotspot regions of the Tibetan sheep genome does not lead to genetic load. *BMC Genomics*. 2025;26(1):60. doi: 10.1186/s12864-025-11207-7
44. Vasimuddin M, Misra S, Li H, Aluru S. Efficient architecture-aware acceleration of BWA-MEM for multicore systems. 2019 IEEE International Parallel and Distributed Processing Symposium (IPDPS), Rio de Janeiro, Brazil, 20-24 May 2019. IEEE;2019:314-324. doi: 10.1109/IPDPS.2019.00041
45. Wei J, Lian H, Guo W, Chen YD, Zhang XN, Zang R, et al. SNX8 modulates innate immune response to DNA virus by mediating trafficking and activation of MITA. *PLoS Pathog*. 2018;14(10):e1007336. doi: 10.1371/journal.ppat.1007336
46. Xiong J, Bao J, Hu W, Shang M, Zhang L. Whole-genome resequencing reveals genetic diversity and selection characteristics of dairy goat. *Front Genet*. 2023;13:1044017. doi: 10.3389/fgene.2022.1044017
47. Yang P, Shang M, Bao J, Liu T, Xiong J, Huang J, et al. Whole-genome resequencing revealed selective signatures for growth traits in Hu and Gangba sheep. *Genes*. 2024;15(5):551. doi: 10.3390/genes15050551
48. Zhang F, Luo J, Shi C, Zhu L, He Q, Tian H, et al. Genome-wide analysis of the acyl-coenzyme A synthetase family and their association with the formation of goat milk flavour. *Front Genet*. 2022;13:980463. doi: 10.3389/fgene.2022.980463
49. Zhao Y, Zhang X, Li F, Tian H, Zhang D, Li X, et al. The changes in genetic parameters and genomic selection of lambing rate in Hu sheep following marker-assisted selection. *J Anim Breed Genet*. 2026;143(3):465-478. doi: 10.1111/jbg.70036
50. Zhou Z, Zhang K, Liu Z, Gao X, Huang K, Chen C, et al. ATPAF1 deficiency impairs ATP synthase assembly and mitochondrial respiration. *Mitochondrion*. 2021;60:129-141. doi: 10.1016/j.mito.2021.08.005
51. Zimmermann S, Pfannkuch L, Al-Zeer MA, Bartfeld S, Koch M, Liu J, et al. ALPK1- and TIFA-dependent innate immune response triggered by the *Helicobacter pylori* type IV secretion system. *Cell Rep*. 2017;20(10):2384-2395. doi: 10.1016/j.celrep.2017.08.039

Информация об авторах:

Татьяна Евгеньевна Денисова, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, заведующая лабораторией молекулярной генетики сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

Александра Сергеевна Абдельманова, доктор биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории генетического мониторинга ресурсов сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

Ольга Андреевна Кошкина, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

Арсен Владимирович Доцев, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, заведующий лабораторией функциональной и эволюционной геномики животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

Наталья Анатольевна Зиновьева, доктор биологических наук, профессор, академик РАН, директор, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

Information about the authors:

Tatyana E Deniskova, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Head of the Laboratory of Molecular Genetics of Farm Animals, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132, Russia.

Alexandra S Abdelmanova, Dr. Sci. (Biology), Senior Researcher, Laboratory of Genetic Monitoring of Livestock Resources, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132, Russia.

Olga A Koshkina, Cand. Sci. (Biology), Researcher, the Laboratory of Molecular Genetics of Farm Animals, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132, Russia.

Arsen V Dotsev, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Head of Laboratory of Functional and Evolutionary Animal Genomics, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132, Russia.

Natalia A Zinovieva, Dr. Sci. (Biology), Professor, Academician of the Russian Academy of Sciences, Director, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132, Russia.

Статья поступила в редакцию 03.05.2026; одобрена после рецензирования 24.07.2026; принята к публикации 14.09.2026.

The article was submitted 03.05.2026; approved after reviewing 24.07.2026; accepted for publication 14.09.2026.