

Резюмета

на научни публикации на проф. д-р Божин Божинов

във връзка с дисертация за получаване на научна степен „Доктор на науките“

Област на висше образование 4.0. Природни науки, математика и компютърни науки;

Професионално направление: 4.3. Биологични науки;

Научна специалност: „Генетика“

1. Angelov, M., and **Bojinov, B.** (2015). Determining genetic variability in traditional and newly created genotypes with the help of DNA markers. Agraren Universitet Plovdiv-Nauchni Trudove/Scientific Works of the Agrarian University-Plovdiv, 59, 29-34.

Резюме: Доматът е една от основните зеленчукови култури, поради което селекцията на нови сортове, задоволяващи повишаващите се изисквания на потребителите и производителите, е от голяма важност. Целта на това изследване беше да се изпита приложимостта на ISSR маркерна система за характеризиране на генетичното разнообразие в селекционни образци, подбрани за нуждите на селекционна програма, целяща повишаването на количеството антиоксиданти в плода на домата. В изследването бяха включени осем генотипа, отличаващи се по антиоксидантното съдържание на плодовете. Получените от анализа резултати показаха, че ISSR маркерната система е успешно приложима при домати и би могла да се използва за нуждите на селекцията, семепроизводството и паспортизирането на съществуващи и новосъздадени сортове.

2. Angelov, M., Ivanova, B., Pavlov, A., Ganeva, D., Danailov, Z., and **Bojinov, B.** (2017). Development of ISSR markers for a Bulgarian tomato breeding collection aiming to improve antioxidant compounds in fruits. Bulgarian Journal of Agricultural Science, 23, 405–410.

Резюме: Маркерната техника Inter-Simple Sequence Repeat беше приложена към набор от генотипове домати, за които беше установено, че се различават по антиоксидантни съединения в плодовете. Тъй като селекцията с помощта на маркери се превръща в инструмент, който носи големи предимства за селекционните програми, необходимостта от използването ѝ нараства, за да се отговори бързо на потребителското търсене. Като част от система за ефективно селектиране на растения при много култури, целта на настоящото проучване беше да се тестват Inter-Simple Sequence Repeats като кандидат инструмент за включване в селекционна програма, насочена към подобряване на антиоксидантните свойства на доматиените плодове. Прилагането на маркери Inter-Simple Sequence Repeat доведе до получаване на адекватно представителство на всеки екземпляр от избраната група. Това отваря възможност за използване на системата за потвърждаване на хибридия

характер на потомството F1 и допълнително ускоряване на селекцията на генотипове за употреба като здравословна храна.

3. **Bojinov, B.** (2014). Mutation breeding as a tool for developing new Bulgarian cotton varieties, adapted for mechanical harvesting. In "Turkey 5-th Seed Congress with International Participation" (S. BAŞBAĞ, B. T. BİÇER and V. PİRİNÇ, eds.), pp. 100-106, Diyarbakir.

Резюме: През 2004 г. е използвано гама облъчване на семена от сорт Чирпан 603 за създаване на мутантна сегрегираща популация. Когато популацията достигна M4 поколение, в Опитното поле на Аграрния университет в гр. Пловдив е започната селекция за архитектура на растенията, която би улеснила механичните комбайни да събират по-голямата част от произведения на полето памук с едно преминаване. Височината на растенията и височината и дължината на първата плодна клонка бяха основните цели на селекционната програма, докато добивът и качеството на влакната бяха следвани като допълнителни параметри, съществени за ефективното производство на култури в български условия. В резултат на това бяха получени мутантни линии, подходящи за интензивно производство на памук. При висока гъстота на растенията, типична за българското памукопроизводство, най-добре селектираните линии демонстрираха естествено приключване на вегетативния растеж и равномерно узряване на полукомпактни растения с кутийки, разположени адекватно за лесно механично прибиране на реколтата.

4. **Bojinov, B.** (2019). Quantitative trait loci detection in Bulgarian cotton mutant segregating population. *Genetika*, 51, 323 -334.

Резюме: Идентифицирането на локусите за количествени признаци (QTL), свързани с качеството на влакната, е от първостепенен интерес в селекцията на памук. Тъй като българските сортове памук принадлежат към специфична група (*proles Bulgaricum*), те са още по-трудни за кръстосване в тях с такива качествени характеристики. Поради това от стандартния български сорт „Чирпан 603“ е разработена сегрегираща мутантна популация чрез прилагане на гама-облъчване на семена. Поколения M4 и M5 са използвани за идентифициране на QTL, свързани с характеристиките за качество на влакната. SSR маркери, разработени при междувидови кръстоски и допълнително потвърдени при вътревидови кръстоски, заедно с вътрешно разработени ISSR маркери, са използвани за асоциативно картографиране на QTL за качество на влакната. Здравината, дължината, равномерността, микронерът и еластичността на влакната са основните изследвани характеристики. QTL с основно влияние върху тези признаци, идентифицирани в M4 и M5, са потвърдени в поколение M6. Допълнителни са идентифицирани и използвани за насищане на картата и потвърждаване на групата за свързване.

5. **Bojinov, B.** and J.-M. Lacape (2003). Molecular markers for DNA-fingerprinting in cotton. Proceedings World Cotton Research Conference-3, 9-13 March, Cape Town, Republic of South Africa, pp. 343-349.

Резюме: Молекулярните маркери отдавна се предлагат като подходящи за снемане на пръстови отпечатъци на културни видове. С развитието на техниките вниманието се измести от протеинови към ДНК-базирани маркери, като независими от възрастта, тъканта и статуса и следователно по-надеждни и възпроизводими. Няколко такива маркера (RFLP, RAPD, AFLP, SSR) бяха използвани при памука за разработване на генетична карта с висока плътност за геномни изследвания и с перспективата за селекция с помощта на маркери. Наличието на тези маркери, заедно със съществуващата възможност за генетична трансформация на културата, правят разработването на ДНК „пръстови отпечатъци“ за сортовете въпрос от нарастващ интерес сред селекционерите и компаниите за семена. Доколкото ни е известно, досега не са положени концентрирани усилия за разработване на такива пръстови отпечатъци, въпреки няколкото доклада, предлагащи потенциалната ползност на микросателитите и AFLP в това отношение. Тук представяме нашата работа по сравняване на приложимостта на три вида молекулярни маркери (микросателити, AFLP и SAMPL) за установяване на надежден, възпроизводим и относително евтин протокол за ДНК-пръстови отпечатъци за памук. Освен това, целта за преносимост към възможно най-широк кръг лаборатории и следователно за максимално приближаване до полетата на селекционера е била заменена чрез стандартната процедура за маркиране с радиоактивна ДНК с по-малко опасния протокол за „оцветяване със сребро“. Обсъждат се резултатите и възможните разширения на настоящата работа.

6. **Bojinov, B. M.,** and Danailov, Z. P. (2009). Applicability of ISSRs for Genotype Identification in a Tomato Breeding Collection. Acta Horticulturae, 830, 63-70.

Резюме: Техниката ISSR (Inter-Simple Sequence Repeats) беше приложена към набор от диви видове, съвременни сортове и F1 хибриди на домати. Идентификацията на генотипа е от голямо значение за производството на семена и размножаването на сортове, където системата UPOV все още разчита на фенотипни маркери. Наследената нестабилност на тези маркери често води до спорове между производители на семена, търговци и фермери. Проблемът се утежни от въвеждането на молекулярни маркери в селекцията на растения, което се наблюдава през последните години. Селекцията с помощта на маркери (MAS) се превръща в инструмент, който носи големи предимства за компаниите за семена и те лесно я възприемат в своите селекционни програми. Съвременните генетични технологии позволяват идентифициране на генотипове въз основа на уникалните последователности в техния геном. Това отваря възможност за ефективно разработване на система за идентификация на сортове. Целта на настоящия доклад е да представи резултатите от тестването на ISSR като кандидат техника за идентифициране на генотипове на домати с помощта на силно полиморфни молекулярни маркери. За всеки образец от групата на дивите видове е получен специфичен

профил, докато разликите между опитомените форми са значително по-малки. Обсъждат се перспективите за приемане на ISSR от селекционери и производители, както и техният потенциал и недостатъци, ако бъдат предложени за включване в стандартното РХС изпитване.

7. **Bojinov, B.,** and Bozhinova, R. (2020). Intra- and inter-cultivar genetic variability in Bulgarian tobacco. *Trakia Journal of Sciences*, 18, 279-284.

Резюме: Родът *Nicotiana* е добре дефинирана група видове, сред които тютюнът (*Nicotiana tabacum* L.) е най-важното културно растение и играе значителна роля в икономиките на много страни. Последните постижения в молекулярната генетика на културата позволиха идентифицирането на редица важни гени и тяхното местоположение върху хромозомите. Генетичният анализ на това инбредно, силно хомозиготно растение, което служи като модел в много други изследвания, обаче все още е в процес на разработка.

Голяма част от тютюневия геном е представена от силно повтарящи се ДНК последователности, което прави молекулярните маркери, базирани на тях, очевиден първи избор в изследванията на разнообразието. Тук представяме оценка с Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) маркери на вътрешно- и междукulturната вариабилност в набор от български сортове тютюн. Скринингът на 4-те праймера разкри променлив брой ленти, генерирани от различни праймери. Общият брой ленти варира между 4 и 13. Не е наблюдавана корелация между общия брой ленти и броя на полиморфните ленти. Настоящото изследване демонстрира силата на ISSR техниката като инструмент за идентифициране на разнообразието в тютюна.

8. **Bojinov, B.,** Vasileva, S., Ganeva, D., Georgiev, V., and Pavlov, A. (2024). An integrative approach to developing new tomato varieties with elevated fruit antioxidant content. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 30, 363-374.

Резюме: Каротините са идентифицирани като най-важните каротеноиди в човешкото тяло, заедно с ликопен, лутеин и β -криптоксантин, поради тяхната полезна антиоксидантна активност. Поради тези свойства, през 2018-2021 г. ние разработихме и проведохме експеримент, при който различни сортове домати бяха метаболитно профилирани за тяхното антиоксидантно съдържание и други параметри на плодовете за по-нататъшно използване в програми за подобряване на културите. Същите генотипове бяха фенотипирани и профилирани с ДНК маркери, за да се характеризира тяхната относителна генетична дистанция. Агрегираните данни от метаболитното и генетичното профилиране бяха допълнени от фенотипните данни, за да се избере най-обещаващото кръстосване (Пл. каротина $\times$ L1116), което беше извършено и развито в F1 и F2 поколения. След фенотипиране и генетично профилиране на 104-те F2 индивида, получени от това кръстосване, 24 индивида бяха избрани за метаболитно профилиране за антиоксидантно съдържание. По отношение на

каротеноидите, натрупани в напълно узрели плодове, най-високата концентрация на ликопен, установена в нашето проучване, е 587,03 µg/g DW, докато β-каротинът достига 440,29 µg/g DW. Нашите резултати подкрепят използването на такъв интегративен подход за ускоряване на селекцията на домати, когато се цели подобряване на метаболитното съдържание на плодовете.

9. Grozeva, S., Ganeva, D., Pevicharova, G., **Bojinov, B.**, and Danailov, Z. (2014). Characterization of quality and productivity traits of new tomato genotypes with high biological value. *Genetics, Plant Breeding and Seed Production*, 1, 239-243.

Резюме: Целта на тази работа беше морфологична и фенотипна оценка на нови генотипове домати. Осем генотипа домати бяха характеризирани по хабитус на растението, цвят на плода, форма, тегло, твърдост и сухо вещество, брой плодове на растение, тегло на растението, биомаса, индекс на реколтата и добив. Проведен беше и сензорен анализ. За повечето признаци беше открит широк диапазон на генетична вариабилност. Установените контрастни разлики между изследваните генотипове по основни признаци на растенията и плодовете са добра основа за селекционна програма, насочена към определяне на характера на наследяване и идентифициране на донори на ценни признаци.

10. Ivanova, B., and **Bojinov, B.** (2009). Identification of QTLs for fiber quality in a Bulgarian cotton breeding collection. *Genetics and Breeding*, 38, 55-60.

Резюме: От стандартния български сорт „Чирпан 603“ беше разработена сегрегираща мутантна популация за идентифициране на QTL, свързани с характеристиките на качеството на влакната. SSR маркери, разработени при междувидови кръстоски и потвърдени при вътревидови кръстоски в други наши изследвания, бяха използвани за картографиране на асоциациите със здравината, дължината, равномерността, микронера и еластичността на влакната. Идентифицирани са QTL с основен ефект върху всички характеристики, като тези, свързани със здравината, равномерността и микронера, се локализируют в един и същ регион на една и съща група на скачване (LG3).

11. Ivanova, B., and **Bojinov, B.** (2012). Identification of QTLs for cotton fiber quality in a M5 mutant segregating population. In "A Joint Workshop and Meeting of All Working Groups, of the Inter-Regional Cooperative Research Network on Cotton for the Mediterranean and Middle East Regions", Antalya, Turkey.

Резюме: От стандартния български сорт „Чирпан 603“ е разработена сегрегираща мутантна популация за идентифициране на QTL, свързани с характеристиките на качеството на влакната. SSR маркери, разработени при междувидови кръстоски и потвърдени при вътревидови кръстоски в други изследвания, бяха използвани за картографиране на

асоциациите със здравината, дължината, равномерността, микронера и еластичността на влакната. Идентифицирани са QTL с основен ефект върху всички характеристики, като тези, свързани със здравината, равномерността и микронера, се колокализират в един и същ регион на една и съща група на свързване (LG3).

12. Ivanova, B., Angelov, M., Pavlov, A., Ganeva, D., Danailov, Z., and **Bojinov, B.** (2014). Applicability of inter-simple sequence repeat markers in developing tomato breeding population. *Agricultural Sciences / Agrarni Nauki*, 6, 33-38.

Резюме: В настоящата разработка са идентифицирани ДНК маркери между простите повторени последователности при родителски форми и при техните F1 хибриди, различаващи се по отношение на антиоксидантния състав на плодовете. С превръщането на селекцията с помощта на молекулярни маркери в основно средство, носещо съществени ползи за селекционните програми, нараства и нуждата от използването ѝ за постигането на бърз отговор на изискванията на потребителите. Съвременните генни технологии разкриват възможности за ефективното приложение на системи за ефикасна селекция при много култури, включително и при домати. Целта на изследването е да се изпитат този тип маркери като кандидати за използване в селекцията при домати. С помощта на тази маркерна система беше постигнато ефективно установяване на хибридния характер на поколението от родителски генотипове домати, кръстосани с цел подобряване на антиоксидантното съдържание на плодовете.

13. Ivanova, B., Yancheva, S., and **Bojinov, B.** (2012). Molecular differentiation of *Paulownia* species and hybrids. *Journal of Central European Agriculture*, 13, 73 - 84.

Резюме: Пауловнията (*Paulownia*) е единствения род бързорастящи дървета в сем. Paulowniaceae и включва в себе си няколко вида със сходни качества. В последните години интересът към промишленото използване на рода у нас се засилва във връзка с потенциалът му като биоенергиен източник и материал за дървообработващата промишленост. Познанията за този род обаче са твърде ограничени дори и на ниво диференциране на отделните видове и хибриди, които се предлагат на пазара у нас. Ето защо наличието на система за адекватно идентифициране на отделните генотипове представлява интерес не само от научен, но и от чисто практически интерес. Поради липсата на адекватно разработени методи за молекулярна диференциация на видовете от род *Paulownia*, настоящото изследване си постави за цел да установи ефективността от използването на ISSR маркери в рамките на род *Paulownia* и да направи опит за диференциация на група генотипове, с които Лабораторията по растителни биотехнологии към Аграрния университет разполага.

14. Kostova, M., and **Bojinov, B.** (2018). Application of ISSR markers for detection of genetic variation in two Bulgarian autochthonous goat breeds. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 24, 1109-1113.

Резюме: Опазването на генетичните ресурси в животновъдството е от нарастващ интерес през последните години. Въвеждането на високоинтензивно селектирани породи води до намаляване на размера на местните, което води до стесняване на тяхното генетично разнообразие. Следователно, оценката на оставащите генетични вариации придобива ключово значение за приоритизиране на усилията за опазване и разработване на бъдещи развъдни програми. В тази връзка, за настоящото изследване бяха избрани две местни породи кози с отличителен екстериор, стабилно предаван в потомството, и тяхната вътрешнопородна генетична вариация беше оценена с ISSR маркери. Нашите резултати показват, че ISSR маркерите са способни да разкрият значително генетично разнообразие в автохтонните български породи кози. Освен това, за всяко от изследваните животни бяха получени уникални генетични профили, като по този начин се предоставя използваем инструмент за тестване на бащинство в бъдещи развъдни програми.

15. Lacape, J. M., Nguyen, T. B., Thibivilliers, S., **Bojinov, B.**, Courtois, B., Cantrell, R. G., Burr, B., and Hau, B. (2003a). A combined RFLP-SSR-AFLP map of tetraploid cotton based on a *Gossypium hirsutum* x *Gossypium barbadense* backcross population. *Genome* 46, 612-626.

Резюме: Междувидова популация от 75 растения *Gossypium hirsutum* x *Gossypium barbadense*, получена чрез обратно кръстосване, беше оценена за 1014 маркера. Картата се състои от 888 локуса, включително 465 AFLP, 229 SSR, 192 RFLP и 2 морфологични маркера, подредени в 37 групи за свързване, които представляват повечето, ако не и всичките 26 хромозоми, обхващащи общо 4400 cM. Локусите не бяха равномерно разпределени по групите за свързване, а 18 от 26-те дълги групи имаха един плътен регион. Тази статия предлага частично ревизиран списък на 13-те двойки хомеоложни A/D хромозоми от тетраплоидния геном на памук $2n = 4x = 52$. Основните ревизии, които включват хомеоложните двойки c3-c17, c4-c22, c5-D08 и c10-c20, се основават на картографирането на 68 SSR и RFLP локуса с известно хромозомно разпределение, както и на сравнителни подравнявания с публикувани по-рано карти на *G. hirsutum* x *G. barbadense*. Общото съответствие в локусните редове и разстояния на общите SSR и RFLP локуси в тези карти позволява оценка на консенсусната дължина, която достига минимум 5500 cM, и е окуражаващо за бъдещи усилия, насочени към разработване на интегрирана карта на култивиран памук. Настоящата карта също така предоставя солидна рамка за прецизно картографиране на менделовите компоненти на количествените характеристики при памука.

16. Lacape, J.-M., Nguyen, T.-B., Courtois, B., **Bojinov, B.**, and Hau, B. (2003b). Genome mapping of tetraploid cotton: towards a saturated and unified map. In "World Cotton Research Conference 3". ARC-IIC, FAO. Rustenburg.

Резюме: Генетични карти, базирани на ДНК, са създадени за почти всички основни видове култури, като по този начин се улеснява анализът на структурата и еволюцията на генома и се подобрява ефективността и точността на селекцията. В CIRAD/Франция разработихме комбинирана и наситена RFLP-AFLP-SSR генетична карта на тетраплоиден памук от анализа на 1-во и 2-ро поколение обратно кръстосване на междувидово кръстосване *Gossypium hirsutum* (cv 'Guazuncho 2') x *G. barbadense* (cv 'VH8'). Картите BC1 и BC2 бяха конструирани независимо от анализа съответно на 75 и 200 отделни растения. Като скорошно развитие беше разработена библиотека, обогатена с микросателити, и бяха дефинирани 418 нови микросателитни праймера. Сто шестдесет и един микросателита, показващи поне един полиморфизъм между Guazuncho 2 и VH8, бяха скринирани върху BC1 популацията и 185 нови локуса бяха добавени към BC1 картата. Наличието на 360 общи локуса между картата BC1 (общо 1107 локуса) и BC2 (общо 513 локуса) се оказа полезно за потвърждаване на подредбата на локусите по групите за свързване и позволи малки групи за свързване да бъдат свързани с по-големи. Общо 138 допълнителни локуса, главно AFLP, от картата BC2 бяха добавени към скелетната карта 60. Накрая, след обединяване на данните от картографирането SC 7 и 6C2, картата Guazuncho 2 x VH8 сега включва 1260 локуса, разделени главно между AFLP (40%), SSR (34%) и RFLP (15%). 26-те групи за свързване обхващат общо над 5400 cM. Коментирани са подробности за картата Guazuncho 2 x VH8. Значителен брой микросателитни и RFLP маркери, използвани в настоящото изследване, са общи с други публикувани генетични карти, също получени от междувидови популации на *G. hirsutum* x *G. barbadense*. Като предварителна стъпка към интегриране на различните карти, използвахме „съседски подход“, приложен към 4 от 26-те хромозоми, като подравнихме тези карти, използвайки тези мостови локуси. Наблюдава се общо съгласие по отношение на реда на локусите и разстоянията. Обсъжда се интегрирането на генетични карти в по-плътна консенсусна унифицирана карта на тетраплоидния памук и бъдещата осъществимост на интегрирането на генетични и физически карти.

17. Todorovska, E., Ivanova, A., Ganeva, D., Pevicharova, G., Molle, E., Bojinov, B., Radkova, M., and Danailov, Z. (2014). Assessment of genetic variation in Bulgarian tomato (*Solanum lycopersicum* L.) genotypes, using fluorescent SSR genotyping platform. *Biotechnology & Biotechnological Equipment* 28, 68-76.

Резюме: Генетичната вариабилност при съвременните култури е ограничена поради процесите на опитомяване и селекция. Генетичната вариабилност в осем български сорта домати и селекционни линии (сорт „Пловдивска каротина“, сорт „ИЗК Аля“, L21β, L53β, L1140, L1116, L975, L984), различаващи се по морфологичен и биохимичен състав, беше оценена с помощта на високоефективна и нискобюджетна флуоресцентна SSR генотипираща платформа. Генотипирането беше проведено със 165 публично достъпни микросателитни маркера, разработени от различни изследователски групи по редица проекти в областта на

доматите (Sol genomics SSRs, Kazusa TGS и TES, SLM, TMS и LEMDDNa), сред които само пет (3,03%) не успяха да амплифицират очакваните PCR фрагменти. От останалите маркери осемдесет и един (50,62%) са полиморфни в цялата колекция от 8 генотипа. Сред използваните групи маркери, SLM- маркерите бяха най-полиморфни, следвани от TMS- и Sol genomics SSR- маркерите. Общият брой на амплифицираните алели е 299 със средна стойност 1.869, а средното съдържание на полиморфна информация (PIC) - 0.196. Генетичното разнообразие в колекцията е относително ниско (0.2222). Генетичната дистанция на Nei варира от 0.0953 до 0.3992. Клъстерният анализ, използващ UPGMA метода, показва, че генотиповете на домати са групирани в 4 основни клъстера, което до известна степен е в съответствие с морфо- и хемо-типовете на изследваните домати. Сорт ИЗК Аля (тип череша) и две от селекционните линии (L1140, L1116) образуват 3 отделни и по-отдалечени клъстера. Четвъртият клъстер включва останалите 5 генотипа. Наблюдаваното групиране на тези генотипове в 2 подклъстера отразява сходния им морфологичен и биохимичен състав.

Информацията за генетичното разстояние от това проучване може да бъде полезна за по-нататъшно прилагане на развъдни стратегии и кръстоски между тези инбредни линии.

18. Vuchkov, A., Kostova, M., and Bojinov, B. (2017a). Genetic Variation in Two Bulgarian Domestic Goat Breeds as Detected With ISSR Markers. In "XXII SAVETOVANJE O BIOTEHNOLOGIJI" (P. M. Gordana Šekularac, Milun Petrović, Gorica Paunović, Milomirka Madić, Srđan Bošković, ed.), Vol. 1, pp. 387-394. Univerzitetu Kragujevcu, Agronomski fakultet u Čačku, Čačak, Serbia.

Резюме: Въпросът за опазването на генетичните ресурси в животновъдството е от нарастващ интерес през последните десетилетия. Местните породи селскостопански животни обикновено са с относително по-ниска продуктивност, но добре адаптирани към специфичните условия на околната среда.

Поради появата на редица високоинтензивно селектирани породи, съществуването на местни генетични ресурси е застрашено в нашата страна. Рискът идва от намаляване на размера на местните популации на чистопородни животни, което води до стесняване на генетичното разнообразие. За настоящото изследване бяха избрани две местни породи кози с отличителен екстериор, стабилно предаван в потомството, и тяхната вътрешнопородна генетична вариация беше оценена с ISSR маркери.

19. Vuchkov, A., Kostova, M., and Bojinov, B. (2017b). Variations of the color of coat in two autochthonous goat breeds in Southwest Bulgaria. Journal of Mountain Agriculture on the Balkans, 20, 25-36.

Резюме: Настоящото изследване представя обобщен анализ на вариациите в окраската на космената покривка на две български автохтонни породи кози – Калоферска дългокосместа и Българска виторога дългокосместа коза, отглеждани в Югозападна България. Избраните екземпляри формират представителна извадка за породите – 120 обследвани животни (по 60 от порода). За целите на изследването бяха подбрани неродствени чистопородни животни от 10 стада, олицетворяващи пълното разнообразие в оцветяването на космената покривка, характерно за популациите на двете породи. На базата на проведеното изследване върху окраските на космената покривка на екземпляри от популациите на Българската виторога дългокосместа коза и Калоферската дългокосместа коза, отглеждани в Югозападна България, могат да се диференцират 5 базови окраски – черна, рижо-кафява, сребристо-сива, „барза“, черно-гареста. Две от тях (черна и рижо-кафява), се обуславят от В-локуса, определящ еумеланиновата пигментация и три (сребристо-сива, „барза“, черно-гареста) се обуславят от Agouti-локуса.