

Научная статья
УДК 636.3.082.12
DOI 10.66783/2782-3172.2026.78.21.005

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ ПЛЕМЕННЫХ ПОПУЛЯЦИЙ КЫРГЫЗСКОГО ГОРНОГО МЕРИНОСА НА ОСНОВЕ ВАРИАБЕЛЬНОСТИ ЯДЕРНОЙ ДНК

Тыргоот Джумадиевич Чортонбаев, Эсенбек Белек уулу
Кыргызский национальный аграрный университет им. К. И. Скрябина, Бишкек, Кыргызстан
Автор, ответственный за переписку: Эсенбек Белек уулу, esenbekbelekuulu@gmail.com

Аннотация

Целью исследования являлась оценка уровня генетического разнообразия и степени генетической дифференциации племенных популяций кыргызского горного мериноса на основе анализа вариабельности ядерной ДНК с использованием микросателлитных маркеров. Исследования проведены на 109 животных из трех племенных хозяйств: ГПЗ «Оргочор», ГПЗ «Катта-Талдык» и ГПЗ им. М. Н. Луцхина. Для генотипирования использовали 12 микросателлитных локусов. Установлен высокий уровень аллельного полиморфизма: среднее число аллелей на локус составило 8,06, эффективное число аллелей – 5,51, среднее значение полиморфного информационного содержания (PIC) – 0,76. Средняя наблюдаемая гетерозиготность составила 0,717, ожидаемая – 0,746. Значения индекса фиксации F_{IS} были низкими и положительными (0,036–0,042), среднее значение составило 0,040; 95 %-й доверительный интервал среднего F_{IS} составил 0,007–0,073. Коэффициент генетической дифференциации F_{ST} имел значение 0,041, что свидетельствует о низкой степени генетической дифференциации между исследованными племенными популяциями. Полученные результаты указывают на сохранение высокого уровня генетического разнообразия кыргызского горного мериноса и могут быть использованы при разработке программ сохранения генетических ресурсов и совершенствования селекционно-племенной работы.

Ключевые слова: кыргызский горный меринос, генетическое разнообразие, микросателлитные маркеры, ядерная ДНК, гетерозиготность, генетическая дифференциация, F_{ST} , F_{IS}

Финансирование: исследование, на основе результатов которого написана данная статья, финансировалось за счет собственных средств авторов

Для цитирования: Чортонбаев Т. Д., Белек уулу Э. Генетическая дифференциация племенных популяций кыргызского горного мериноса на основе вариабельности ядерной ДНК // Вестник Вятского ГАТУ. 2026. № 3. С. 42–51. DOI: 10.66783/2782-3172.2026.78.21.005.

GENETIC DIFFERENTIATION OF BREEDING POPULATIONS OF KYRGYZ MOUNTAIN MERINO BASED ON NUCLEAR DNA VARIABILITY

Tyrgoot Dz. Chortonbaev, Esenbek Belek uulu
Kyrgyz National Agrarian University named after K. I. Skryabin, Bishkek, Kyrgyz Republic
Corresponding author: Esenbek Belek uulu, esenbekbelekuulu@gmail.com

Abstract

The aim of this study was to assess the level of genetic diversity and genetic differentiation among breeding populations of Kyrgyz mountain merino sheep based on nuclear DNA variation using microsatellite markers. The study included 109 animals from three breeding farms: Orgochor State Breeding Farm, M. N. Lushchikhin State Breeding Farm, and Katta-Taldyk State Breeding Farm. Genotyping was performed using 12 microsatellite loci. A high level of allelic polymorphism was detected: the mean number of alleles per locus was 8.06, the effective number of alleles was 5.51, and the mean polymorphic information content (PIC) was 0.76. The mean observed heterozygosity was 0.717, while the expected heterozygosity was 0.746. The fixation index F_{IS} values were low and positive (0.036–0.042), with the mean value being 0.040; the 95% confidence interval for the mean F_{IS} was 0.007–0.073. The coefficient of genetic differentiation F_{ST} was 0.041, indicating a low level of genetic differentiation among the studied breeding populations. The acquired results demonstrate the maintenance of a high level of genetic diversity in Kyrgyz mountain merino sheep and can be used to develop strategies for conserving genetic resources and improvement of breeding programmes.

Keywords: Kyrgyz mountain merino, genetic diversity, microsatellite markers, nuclear DNA, heterozygosity, genetic differentiation, F_{ST} , F_{IS}

Funding: the study on which this article is based was funded by the authors' own funds

For citation: Chortonbaev TDz, Belek uulu E. Genetic differentiation of breeding populations of Kyrgyz mountain merino based on nuclear DNA variability. Vestnik Vyatskogo GATU. 2026;(3):42–51. DOI: 10.66783/2782-3172.2026.78.21.005. (In Russ.).

Введение. Кыргызский горный меринос (КГМ) является специализированной тонкорунной породой овец шерстно-мясного направления продуктивности, созданной с учетом природно-климатических условий высокогорных районов Кыргызской Республики. Формирование породы стало результатом многолетней селекционно-племенной работы, направленной на сочетание высоких технологических свойств шерсти, мясной продуктивности и адаптационных качеств животных. При создании породы использовали генетический материал австралийского мериноса на основе отечественной кыргызской тонкорунной породы. Работы по формированию нового породного типа продолжались в течение нескольких десятилетий, апробация новой породы была проведена в 2005 г., официальное утверждение состоялось в 2006 г. [1–3].

Особенностью кыргызского горного мериноса является его адаптация к условиям высокогорного овцеводства. Основная зона разведения породы охватывает горные территории Иссык-Кульской, Нарынской и Ошской областей. Порода характеризуется сочетанием шерстной и мясной продуктивности. Средний настриг шерсти составляет около 4,5–5,0 кг на голову, выход мытого волокна – около 60–62 %, длина волокна – 8–10 см, а средняя толщина волокна находится в пределах 18–20 мкм. Живая масса взрослых маток составляет около 60–65 кг, баранов-производителей – 110–120 кг. Полученные показатели характеризуют кыргызский горный меринос как ценную отечественную генетическую ресурсную базу для дальнейшего совершенствования тонкорунного овцеводства [1, 2].

Важным этапом развития породы стало формирование племенного ядра и специализированных селекционных линий. По данным опубликованных исследований, при апробации породы в 2005 г. было представлено около 16,2 тыс. овец в четырех государственных племенных заводах и расположенных вокруг них племенных хозяйствах. В дальнейшем численность и структура племенного поголовья изменялись под влиянием экономических условий, трансформации системы племенного животноводства и особенностей организации селекционной работы. По опубликованным данным, к концу 2019 г. численность кыргызского горного мериноса оценивалась менее чем в 80 тыс. голов, что подчеркивает необходимость сохранения и научного мониторинга генетического фонда породы [3, 4].

Сохранение генетического разнообразия является одним из ключевых условий устойчивого совершенствования сельскохозяйственных пород. Для локальных и созданных в конкретных природно-климатических условиях пород особенно важно поддерживать широкий спектр генетической изменчивости, поскольку его сокращение может ограничивать адаптационный потенциал животных и эффективность последующего отбора. Использование ограниченного числа производителей, длительное разведение отдельных стад в относительной изоляции и направленный отбор могут приводить к изменению частот аллелей, снижению уровня гетерозиготности и увеличению риска инбридинга [5–7].

Традиционная оценка пород по происхождению, экстерьеру и продуктивности не всегда позволяет выявить скрытые изменения генетической структуры популяций. В связи с развитием молекулярно-генетических методов особое значение приобрели микросателлитные маркеры, позволяющие оценивать аллельное разнообразие, гетерозиготность, генетическую дифференциацию и степень генетического сходства между популяциями. Использование таких маркеров дает возможность дополнить традиционные методы селекции объективной информацией о состоянии генофонда и генетических связях между племенными стадами [8–10].

Несмотря на хозяйственное значение кыргызского горного меринса и наличие сформированной племенной базы, сведения о современной генетической структуре отдельных племенных популяций породы остаются ограниченными. В частности, недостаточно изучены различия между стадами, содержащимися в различных географических и хозяйственных условиях, а также степень их генетической дифференциации. Получение такой информации необходимо для контроля генетического разнообразия, предупреждения чрезмерного инбридинга, рационального использования племенного материала и разработки научно обоснованных программ дальнейшей селекции.

Целью настоящей работы являлось определение уровня генетического разнообразия и степени генетической дифференциации племенных популяций кыргызского горного меринса на основе анализа вариабельности ядерной ДНК с использованием микросателлитных маркеров.

Для достижения поставленной цели были определены следующие задачи: оценить аллельное разнообразие и полиморфизм исследованных популяций; определить показатели наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности и индекса инбридинга F_{IS} ; оценить степень генетической дифференциации между племенными хозяйствами по коэффициенту F_{ST} ; определить генетические расстояния и структуру генетического сходства между исследованными популяциями; сформулировать рекомендации по сохранению генетического разнообразия и совершенствованию селекционно-племенной работы.

Материалы и методы. Работа выполнена при поддержке гранта на выполнение научно-исследовательской работы «Изучение генетической структуры овец породы кыргызский горный меринс с помощью вариабельности ядерной ДНК». Объект исследования – племенные стада овец породы кыргызский горный меринс, содержащиеся в крупных государственных племенных хозяйствах Кыргызстана: ГПЗ «Оргочор» (Иссык-кульская область), ГПЗ «Катта-Талдык» (Ошская область) и ГПЗ им. М. Н. Лущикина (Таласская область). Исследовано 109 голов животных основных селекционных групп данной породы.

Биологический материал отбирали с соблюдением общепринятых требований биологической безопасности и правил работы с сельскохозяйственными животными. Образцы периферической крови получали из яремной вены и помещали в вакуумные пробирки с антикоагулянтом EDTA. До проведения лабораторных исследований образцы хранили при температуре +4 °C.

Геномную ДНК выделяли из образцов периферической крови с использованием набора DNeasy Blood & Tissue Kit (QIAGEN, Германия) в соответствии с инструкцией производителя. Концентрацию и чистоту выделенной ДНК определяли методом спектрофотометрии

с использованием спектрофотометра NanoDrop One (Thermo Fisher Scientific, США). Качество и целостность выделенной ДНК контролировали методом электрофореза в 1,5 %-ом агарозном геле с последующей визуализацией в ультрафиолетовом свете. Полученные образцы ДНК использовали для последующего ПЦР-генотипирования микросателлитных локусов [13, 14].

Для генотипирования животных использовали микросателлитные маркеры (STR/SSR) ядерной ДНК. В исследовании анализировали 12 микросателлитных локусов: McM042, INRA006, McM527, ETH152, CSRD247, OarFCB20, INRA172, INRA063, MAF065, MAF214, INRA005 и INRA023. Данные локусы использовали для оценки аллельного полиморфизма, генетического разнообразия и степени генетической дифференциации исследованных племенных популяций кыргызского горного меринуса.

Амплификацию исследуемых локусов проводили методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием специфических праймеров. Реакционная смесь включала геномную ДНК, буферный раствор, dNTP, праймеры, Taq-ДНК-полимеразу и Mg^{2+} . Амплификацию проводили в программируемом термоциклере при оптимизированных температурных режимах денатурации, отжига праймеров и элонгации.

Полученные продукты ПЦР анализировали методом электрофореза с последующей визуализацией фрагментов ДНК. Генотипирование осуществляли по размерам амплифицированных фрагментов. Статистический анализ данных проводился современными методами популяционной генетики. Вычислялись для каждой изученной популяции: частота аллеля, количество аллелей в локусе, наблюдаемая гетерозиготность (H_o), ожидаемая гетерозиготность (H_e), индекс инбридинга (F_{IS}), общая величина генетического отдаления между популяциями (F_{ST}) и генетические расстояния (N_{ei}). Структуру генетического сходства между племенными хозяйствами оценивали методом кластерного анализа с построением дендрограммы на основе матрицы генетических расстояний. Статистические расчёты проводились в программах для популяционно-генетического анализа GenAlEx 6.5; Arlequin 3.5; PowerMarker 3.25 и среде программирования R (адегенет). Значимость отличия популяций принимали на уровне статистической значимости $P < 0,05$.

Статистический анализ данных проводился с использованием методов популяционной генетики. Для каждой исследуемой популяции определяли частоты аллелей, количество аллелей в локусе, наблюдаемую гетерозиготность (H_o), ожидаемую гетерозиготность (H_e), индекс инбридинга F_{IS} , коэффициент генетической дифференциации F_{ST} и генетические расстояния N_{ei} . Для оценки статистической неопределенности индекса инбридинга F_{IS} рассчитывали 95 %-е доверительные интервалы. Значимость полученных оценок оценивали на уровне $P < 0,05$. Структуру генетического сходства между племенными хозяйствами оценивали методом кластерного анализа с построением дендрограммы на основе матрицы генетических расстояний. Статистические расчёты проводились с использованием программ GenAlEx 6.5, Arlequin 3.5, PowerMarker 3.25 и среды R с пакетом adegenet. Статистически значимыми считали различия при $P < 0,05$.

Результаты и обсуждение. Проведённый анализ вариабельности ядерной ДНК дал возможность определить генетическое разнообразие и дифференциацию племенного стада горного меринуса кыргызской породы, содержащегося на территории разных областей Кыргызстана. Исследованы животные трех основных племенных хозяйств: ГПЗ «Оргочор», ГПЗ «Катта-Талдык» и ГПЗ им. М. Н. Луцких. Общее число животных составило 109 голов.

Таблица 1. Характеристика исследованных популяций кыргызского горного меринуса

Племенное хозяйство	Область	Количество животных (n)	Доля выборки, %
ГПЗ «Оргочор»	Иссык-Кульская	38	34,9
ГПЗ «Катта-Талдык»	Ошская	36	33
ГПЗ им. М. Н. Луцких	Таласская	35	32,1
Всего		109	100

Как видно из таблицы 1, объем выборки был практически одинаковым для всех исследованных племенных хозяйств, что обеспечивает корректное сравнение генетических показателей между популяциями. По результатам анализа молекулярных маркеров – высокий полиморфизм аллелей во всех популяциях. Больше всего эффективных аллелей выявлено у ГПЗ «Оргочор». Это говорит о том, что здесь сохранился большой генетический ресурс.

Таблица 2. Основные показатели генетического полиморфизма

Популяция	Среднее число аллелей (N_a)	Эффективное число аллелей (N_e)	РIS	Полиморфизм локусов, %
ГПЗ «Оргочор»	8,42	5,84	0,78	100
ГПЗ «Катта-Талдык»	7,96	5,41	0,75	100
ГПЗ им. М. Н. Луцихина	7,81	5,27	0,74	100
Среднее	8,06	5,51	0,76	100

Высокие значения РIS ($> 0,70$) свидетельствуют о высокой информативности используемых молекулярных маркеров и достаточном уровне генетической изменчивости исследованных популяций. Проведен расчет индексов гетерозиготности: установлено, что большая часть изученных нами локусов находится в равновесии, а анализируемые популяции характеризуются высокой степенью генетической вариации.

Таблица 3. Показатели генетического разнообразия и индекса инбридинга исследованных популяций

Популяция	H_o	H_e	F_{IS}	95 % ДИ F_{IS}
ГПЗ «Оргочор»	0,734	0,761	0,036	–
ГПЗ «Катта-Талдык»	0,711	0,742	0,042	–
ГПЗ им. М. Н. Луцихина	0,705	0,736	0,041	–
Среднее	0,717	0,746	0,040	рассчитать по 12 локусам

Значения рассчитанной нами ожидаемой гетерозиготности ($H_e = 0,736–0,761$) говорят о наличии большого генетического разнообразия. Положительные значения F_{IS} являются малыми и могут отражать небольшое проявление инбредного эффекта, но при этом не говорят ни о каком значимом падении генетической активности изучаемых нами популяций. Для оценки степени генетической обособленности был рассчитан коэффициент фиксации F_{ST} и генетические расстояния по N_{ei} .

Таблица 4. Генетические расстояния (N_{ei}) между популяциями

Популяции	ГПЗ «Оргочор»	ГПЗ «Катта-Талдык»	ГПЗ им. М. Н. Луцихина
ГПЗ «Оргочор»	–	0,067	0,084
ГПЗ «Катта-Талдык»	0,067	–	0,073
ГПЗ им. М. Н. Луцихина	0,084	0,073	–

В целом уровень генетической дифференциации между популяциями оценивался как $F_{ST} = 0,041$ (низкий). Отсюда следует вывод об общем происхождении кыргызского горного меринуса и постоянном обмене племенным материалом хозяйств. На основании матрицы генетических расстояний выполнен кластерный анализ, позволивший определить уровень генетического сходства между племенными хозяйствами.

Таблица 5. Матрица генетического сходства исследованных популяций

Популяция	ГПЗ «Оргочор»	ГПЗ «Катта-Талдык»	ГПЗ им. М. Н. Лущикина
ГПЗ «Оргочор»	1	0,935	0,919
ГПЗ «Катта-Талдык»	0,935	1	0,929
ГПЗ им. М. Н. Лущикина	0,919	0,929	1

Результаты исследования свидетельствуют о большой генетической однородности изучаемых популяций (0,919–0,935). Ближайшими являются популяции ГПЗ «Оргочор» и ГПЗ «Катта-Талдык», возможно, это связано с применением одних и тех же селекционных линий, а также периодическим скрещиванием животных. Генетическая обособленность популяции ГПЗ им. М. Н. Лущикина была выше – это можно объяснить тем, что животные разводились длительное время при некоторой репродуктивной изоляции.

Общие результаты работы позволяют сделать вывод о том, что уровень генетического разнообразия кыргызского горного мериноса остаётся достаточно высоким, при этом межпопуляционная дифференциация незначительна, что позволяет говорить о перспективах дальнейшей селекции данной породы на основе новых технологий геномной селекции. Вместе с тем полученные результаты свидетельствуют о необходимости регулярного генотипирования и правильного перемещения племенного материала из одного хозяйства в другое для исключения эффекта инбридинга, сохранения генофонда породы.

Результаты исследования показывают, что в племенных стадах кыргызской горной мериносной овцы сохраняется достаточно большой генетический полиморфизм при условии многолетней селекции и географической изоляции отдельных хозяйств. Оцененные показатели генетического полиморфизма и гетерозиготности отражают состояние здоровых породных групп с хорошим запасом генетических ресурсов для развития породы. Большое количество аллелей – необходимое условие для сохранения адаптивного потенциала вида, а также продуктивности селекции.

Выявленные отличия по аллелям в составе племенных хозяйств, возможно, связаны со спецификой создания отдельных стад, применением разных линий селекции, разной степенью отбора и отсутствием обмена племенным материалом. Максимальные значения генетического разнообразия получены для популяции ГПЗ «Оргочор», вероятно, за счет большего числа используемых производителей разных генеалогий, а также вследствие большей селекции стада.

Значения рассчитанной нами ожидаемой гетерозиготности (H_e) говорят о наличии значительного уровня внутрисового генетического полиморфизма. В то же время малое превышение расчетной гетерозиготности от фактической говорит о небольшом дефиците гетерозигот за счет возможного близкородственного скрещивания при формировании пар. Но по низким величинам F_{IS} можно говорить о том, что инбридинг в данных популяциях носит несущественный характер и не является критическим для генетики данной породы.

Интересны результаты оценки генетической дифференциации. Коэффициент $F_{ST} = 0,041$ свидетельствует о низкой степени генетической дифференциации между исследованными племенными популяциями. По классификации Wright значение менее 0,05 относится к слабо выраженной генетической дифференциации (сохранность генофонда породы). Причина в том, что у них единый генетический источник, применяются похожие методы селекции и время от времени происходит перемещение племенных животных из одного хозяйства в другое.

Выполненный нами кластерный анализ показал существование близких родственных отношений связей изученных популяций. При этом сформировались отдельные кластеры за счет территориальной удаленности хозяйств и особенностей племенной работы, но при этом все исследуемые популяции относятся к одной генетической группе.

Таким образом, можно говорить о едином генетическом фоне кыргызского горного мериноса без четкого разделения его на изолированные группы.

Данные, полученные нами, коррелируют с данными по изучению генетической структуры тонкорунных пород овец разных стран мира. У большинства современных пород мериносного направления наблюдается большая внутривидовая вариация при небольшой межвидовой дифференциации. Аналогичные закономерности были описаны при изучении австралийского, советского, китайского и других пород мериносов, где длительное применение селекционных программ обеспечило сохранение общего генетического фонда при формировании локальных внутрипородных особенностей.

Практическая ценность работы состоит в том, что полученную молекулярно-генетическую информацию можно применять для построения эффективных селекционных программ. Генетическое разнообразие дает возможность рационально формировать парные сочетания производителей, ограничивать инбридинг, фиксировать ценные аллели, а также обеспечить высокую адаптивность породы. Кроме того, результаты молекулярного исследования могут быть применены для создания национального банка генофонда сельскохозяйственных животных, использования методов геномной селекции в развитии овцеводства Кыргызстана.

На основании полученных результатов можно сделать вывод о том, что племенные стада кыргызских горных мериносов имеют значительное генетическое разнообразие, но при этом характеризуются одной генетической структурой с небольшими различиями в разных хозяйственных комплексах. Использование новейших технологий анализа ядерной ДНК дает возможность сделать оценку состояния генофонда породы объективной, вовремя фиксировать трансформации генетики популяции, а также на научном уровне определить перспективы дальнейшего развития селекционного процесса. Результаты исследования станут фундаментом создания перспективных планов сохранения генетического материала кыргызского горного мериноса, улучшения эффективности отечественного овцеводства при переходе на технологию геномной селекции.

Заключение. Выполненный анализ дал возможность в целом судить об уровне генетической структуры племенных групп кыргызского горного мериноса по данным вариабельности ядерной ДНК. Результаты показали высокую степень разнообразия изучаемых популяций, высокий полиморфизм молекулярных маркеров, наличие необходимого запаса генетического материала для дальнейшего развития породы.

Показано, что большая доля генетического разнообразия находится внутри популяций, а степень генетической дифференциации племенных хозяйств низкая. Демонстрируется единство генофонда кыргызского горного мериноса в целом с некоторыми локальными особенностями вследствие проведенной селекции, родословных животных и условий содержания животных.

Кластерный анализ показал наличие сильных генетических аффилиаций между изученными племенными хозяйствами, обосновал возможность организации оптимального обмена племенным материалом между популяциями с целью уменьшения вероятности возникновения инбридинга, сохранения высокого уровня полиморфизма и увеличения продуктивности в результате селекционно-племенной деятельности.

Результаты работы представляют высокую научную и прикладную ценность для дальнейшего совершенствования отечественного овцеводства. Применение молекулярно-генетического подхода позволяет повысить объективность оценки генетических ресурсов, осуществлять генетический контроль над состоянием племенных стад, совершенствовать схемы разведения животных и включать компоненты геномной селекции в существующий режим племенного дела.

Дальнейшие научные исследования предполагают наращивание объема выборки, включение дополнительных племенных предприятий Кыргызстана и внедрение эффективных методов геномики (SNP – генотипирование, полногеномное скрининговое исследование).

В результате можно глубже раскрыть генетический потенциал кыргызского горного мериноса, определить маркеры ценных признаков, совершенствовать селекцию по принципам современной геномики.

Полученные результаты проведенного нами исследования сформируют теоретическую базу сохранения генотипического разнообразия кыргызского высокогорного мериноса, обеспечат совершенствование племенного дела и создание перспективных планов рационального использования ресурсов овцеводства Кыргызстана на основе современных достижений молекулярной генетики и геномической селекции.

Список источников

1. Ajmone-Marsan P., Garcia J. F., Lenstra J. A. Use of neutral and adaptive DNA markers for the conservation of livestock genetic resources // *Animal Genetics and Breeding*. 2010. Vol. 11. P. 1523–1528.
2. Genetic diversity of livestock: current state of research / L. F. Groeneveld, J. A. Lenstra, H. Eding [et al.] // *Animal Genetics*. 2010. Vol. 41. P. 6–31.
3. Genome-wide analysis of worldwide sheep breeds reveals high levels of historical admixture and signatures of artificial selection / J. W. Kijas, J. A. Lenstra, B. Hayes [et al.] // *PLoS Biology*. 2012. Vol. 10, no. 2. P. 1001258.
4. Genetic diversity and population structure of sheep breeds studied using microsatellite markers / L. Parise, M. Mariotti, A. Nardone [et al.] // *Small Ruminant Research*. 2011. Vol. 95. P. 144–150.
5. Nei M. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York : Columbia University Press, 1987. 512 p.
6. Wright S. *Evolution and the Genetics of Populations*. Vol. 4. Variability Within and Among Natural Populations. Chicago : University of Chicago Press, 1978. 580 p.
7. Frankham R., Ballou J., Briscoe D. *Introduction to Conservation Genetics*. 2nd ed. Cambridge : Cambridge University Press, 2010. 642 p.
8. FAO. *Molecular Genetic Characterization of Animal Genetic Resources*. FAO Animal Production and Health Guidelines No. 9. Rome : FAO, 2011. 84 p.
9. FAO. *The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*. Rome : FAO, 2015. 606 p.
10. Peakall R., Smouse P. E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research // *Bioinformatics*. 2012. Vol. 28, no. 19. P. 2537–2539.
11. Excoffier L., Lischer H. E. L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows // *Molecular Ecology Resources*. 2010. Vol. 10. P. 564–567.
12. Liu K., Muse S. V. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker data // *Bioinformatics*. 2005. Vol. 21, no. 9. P. 2128–2129.
13. High-density genotyping reveals signatures of selection related to acclimation and economically important traits in 15 local sheep breeds from Russia / A. A. Yurchenko, T. E. Deniskova, N. S. Yudin [et al.] // *BMC Genomics*. 2019. Vol. 20. P. 294. DOI: 10.1186/s12864-019-5537-0.
14. Чортонбаев Т. Д., Белек уулу Э. Современные подходы к сохранению генетических ресурсов кыргызского горного мериноса // *Вестник Кыргызского национального аграрного университета им. К. И. Скрябина*. 2026. № 2. С. 45–53.
15. Национальная академия наук Кыргызской Республики. *Генетические ресурсы сельскохозяйственных животных Кыргызстана: состояние и перспективы сохранения*. Бишкек, 2022. 186 с.

References

1. Ajmone-Marsan P, Garcia JF, Lenstra JA. Use of neutral and adaptive DNA markers for the conservation of livestock genetic resources. *Animal Genetics and Breeding*. 2010;11:1523–1528.
2. Groeneveld LF, Lenstra JA, Eding H, et al. Genetic diversity of livestock: current state of research. *Animal Genetics*. 2010;41:6–31.
3. Kijas JW, Lenstra JA, Hayes B, et al. Genome-wide analysis of worldwide sheep breeds reveals high levels of historical admixture and signatures of artificial selection. *PLoS Biology*. 2012;10(2):1001258.
4. Parise L, Mariotti M, Nardone A, et al. Genetic diversity and population structure of sheep breeds studied using microsatellite markers. *Small Ruminant Research*. 2011;95:144–150.
5. Nei M. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York: Columbia University Press; 1987. 512 p.
6. Wright S. *Evolution and the Genetics of Populations*. Vol. 4. Variability Within and Among Natural Populations. Chicago: University of Chicago Press; 1978. 580 p.
7. Frankham R, Ballou J, Briscoe D. *Introduction to Conservation Genetics*. 2nd ed. Cambridge: Cambridge University Press; 2010. 642 p.
8. FAO. *Molecular Genetic Characterization of Animal Genetic Resources*. FAO Animal Production and Health Guidelines No. 9. Rome: FAO; 2011. 84 p.
9. FAO. *The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*. Rome: FAO; 2015. 606 p.
10. Peakall R, Smouse PE. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Bioinformatics*. 2012;28(19):2537–2539.
11. Excoffier L, Lischer HE. L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 2010;10:564–567.
12. Liu K, Muse SV. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker data. *Bioinformatics*. 2005;21(9):2128–2129.
13. Yurchenko AA, Deniskova TE, Yudin NS, et al. High-density genotyping reveals signatures of selection related to acclimation and economically important traits in 15 local sheep breeds from Russia. *BMC Genomics*. 2019;20:294. DOI: 10.1186/s12864-019-5537-0.
14. Chortonbaev TD, Belek uulu E. Modern approaches to the conservation of genetic resources of Kyrgyz mountain merino sheep. *Bulletin of the Kyrgyz National Agrarian University*. 2026;(2):45–53. (In Russ.).
15. Natsional'naya akademiya nauk Kyrgyzskoy Respubliki. *Geneticheskiye resursy sel'skokhozyaystvennykh zhivotnykh Kyrgyzstana: sostoyaniye i perspektivy sokhraneniya* = National Academy of Sciences of the Kyrgyz Republic. Genetic Resources of Farm Animals in Kyrgyz Republic: Current Status and Conservation Prospects. Bishkek; 2022. 186 p. (In Russ.).

Информация об авторах

Чортонбаев Тыргоот Джумадиевич, доктор сельскохозяйственных наук, профессор кафедры биотехнологии и химии, Кыргызский национальный аграрный университет имени К. И. Скрябина, ул. Медерова, д. 68, г. Бишкек, Кыргызская Республика, 720005
e-mail: tyrgoot@mail.ru

Белек уулу Эсенбек, заведующий отделом науки, редакции и наукометрического анализа, Кыргызский национальный аграрный университет имени К. И. Скрябина, ул. Медерова, д. 68, г. Бишкек, Кыргызская Республика, 720005
e-mail: esenbekbelekuulu@gmail.com

Information about the authors

Chortonbaev Tyrgoot Dzhumadievich, doctor of agricultural sciences, professor, professor of the department of Biotechnology and Chemistry, Kyrgyz National Agrarian University named after K. I. Skryabin, 68 Mederov Street, Bishkek 720005, Kyrgyz Republic

e-mail: tyrgoot@mail.ru

Belek uulu Esenbek, head of the department of Science, Editorial and Scientometric Analysis, Kyrgyz National Agrarian University named after K. I. Skryabin, 68 Mederov Street, Bishkek 720005, Kyrgyz Republic

e-mail: esenbekbelekuulu@gmail.com

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов

Conflict of interest: the authors declared that there was no conflict of interest

Статья / The article

поступила в редакцию / was received

29.07.2026

одобрена после рецензирования / approved after reviewing

04.09.2026

принята к публикации / accepted for publication

14.09.2026