

Научная статья  
УДК 636.3.082.12  
DOI 10.66783/2782-3172.2026.74.87.006

# МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ЛАНДШАФТ ВАРИАБЕЛЬНОСТИ ЯДЕРНОЙ ДНК ОВЕЦ КЫРГЫЗСКОГО ГОРНОГО МЕРИНОСА КАК ОСНОВА СОХРАНЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ

**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*

Поддержание генетического разнообразия среди сельскохозяйственных животных является приоритетной задачей в современной селекции и обеспечении продовольственной безопасности. Кыргызский горный меринос, являясь ценной отечественной породой овец, отличается высокой способностью к адаптации к специфическим природным и климатическим условиям Кыргызстана. В данном исследовании была поставлена задача оценить генетическое разнообразие и особенности вариабельности ядерной ДНК овец кыргызского горного мериноса. Результаты исследования будут использованы для научного обоснования стратегий, направленных на сохранение и рациональное использование генетического потенциала этой породы. Для проведения исследования были собраны образцы биологического материала от представителей трех государственных племенных заводов, расположенных на территории Кыргызской Республики. Для оценки генетического разнообразия была применена молекулярно-генетическая методика, основанная на анализе вариабельности ядерной ДНК. Полученные данные подверглись статистической обработке. Анализ позволил установить особенности распределения генетической изменчивости, quantify уровень внутрипопуляционной гетерогенности и оценить текущее состояние генофонда данной породы в сравнении с ее историей. Результаты исследования показывают, что уровень генетической вариабельности у кыргызского горного мериноса остается достаточно высоким. Это имеет важное значение для дальнейшего развития селекционно-племенной работы, так как обеспечивает адаптивный потенциал животных и способствует сохранению генетических ресурсов этой породы. Накопленные результаты исследования могут стать основой для создания программ молекулярно-генетического мониторинга, оптимизации селекционных процессов и разработки национальной стратегии по защите уникальных отечественных овцеводческих пород.

**Ключевые слова:** кыргызский горный меринос, генетические ресурсы, ядерная ДНК, генетическое разнообразие, молекулярно-генетический анализ, генетический мониторинг, овцеводство

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

**Для цитирования:** Чортонбаев Т. Д., Белек уулу Э. Молекулярно-генетический ландшафт вариабельности ядерной ДНК овец кыргызского горного мериноса как основа сохранения генетических ресурсов // Вестник Вятского ГАТУ. 2026. № 3. С. 52–61. DOI: 10.66783/2782-3172.2026.74.87.006.

# MOLECULAR GENETIC LANDSCAPE OF NUCLEAR DNA VARIABILITY IN KYRGYZ MOUNTAIN MERINO AS THE BASIS FOR GENETIC RESOURCES CONSERVATION

**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*

Maintaining the genetic diversity of farm animals is one of the key priorities of modern breeding and global food security. The Kyrgyz mountain merino, a valuable native sheep breed, is distinguished by its high adaptability to the specific environmental and climatic conditions of the Kyrgyz Republic. The aim of this study was to assess the genetic diversity and to characterize the nuclear DNA variability of Kyrgyz mountain merino sheep. The findings provide a scientific basis for developing strategies aimed at the conservation and sustainable utilization of the breed's genetic potential.

The needed biological samples were collected from animals representing three state breeding farms located in different regions of the Kyrgyz Republic. Genetic diversity was evaluated using molecular genetic methods based on the analysis of nuclear DNA variability. The obtained data were subjected to statistical analysis to determine the distribution of genetic variation, quantify the level of intra-breed genetic heterogeneity, and assess the current status of the breed's gene pool.

The results demonstrated that Kyrgyz mountain merino maintains the relatively high level of genetic diversity, indicating the preservation of valuable genetic resources and adaptive potential within the studied populations. The detected level of polymorphism confirms the effectiveness of the applied molecular markers for assessing the breed genetic structure. These findings are of considerable practical importance for improving the breeding programmes, conserving genetic diversity, and enhancing the long-term sustainability of sheep production.

The obtained results may serve as a scientific basis for establishing molecular genetic monitoring programmes, optimizing breeding strategies, and developing a national framework for the conservation and rational utilization of indigenous sheep genetic resources in the Kyrgyz Republic.

**Keywords:** Kyrgyz mountain merino, genetic resources, nuclear DNA, genetic diversity, molecular genetic analysis, genetic monitoring, sheep breeding

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

**For citation:** Chortonbaev TDz, Belek uulu E. Molecular genetic landscape of nuclear DNA variability in Kyrgyz mountain merino as the basis for genetic resources conservation. Vestnik Vyatskogo GATU. 2026;(3):52–61. DOI: 10.66783/2782-3172.2026.74.87.006. (In Russ.).

**Введение.** Защита генетических ресурсов сельскохозяйственных животных занимает центральное место в современной зоотехнической науке. Это обусловлено тем, что уровень генетического разнообразия определяет способность популяций адаптироваться к меняющимся условиям окружающей среды, их устойчивость к болезням и стрессовым факторам, а также продуктивность и потенциал для дальнейшего улучшения породы путем селекции. В связи с изменением климата, ростом интенсивности животноводства и широким использованием молекулярно-генетических технологий становится все более важным комплексное изучение генетической структуры российских пород животных с применением передовых ДНК-анализов [1–3].

Кыргызский горный меринос, выведенный в результате многолетних селекционных усилий, является ценной тонкорунной породой овец Кыргызстана. Эта порода была специально адаптирована к суровым природно-климатическим условиям высокогорных районов [4–6]. Она отличается высокой продуктивностью как по шерсти, так и по мясу, хорошо приспосабливается к круглогодичному пастбищному содержанию и обладает устойчивостью к экстремальным погодным условиям. С уменьшением численности некоторых племенных популяций и важностью сохранения их генетического разнообразия молекулярно-генетический мониторинг состояния генофонда породы приобретает все большую актуальность [7].

Современные методы изучения вариабельности ядерной ДНК дают возможность объективно измерить уровень генетического разнообразия, проанализировать структуру популяций, оценить степень генетической дифференциации между группами особей и выявить потенциальные риски снижения генетической изменчивости [8–11]. Это открывает возможности для более глубокого понимания генетических процессов и прогнозирования рисков для биоразнообразия. Результаты исследований служат научной основой для создания действенных программ по сохранению генетических ресурсов, совершенствованию селекционно-племенной деятельности и увеличению эффективности воспроизводства скота.

Хотя существует множество исследований, посвящённых генетической оценке разных пород овец, информация о современном генетическом разнообразии кыргызского горного мериноса все ещё недостаточна. Это подчёркивает важность дальнейших исследований с использованием молекулярно-генетических технологий для более полного понимания его генетического состава [12–14].

В настоящем исследовании проведена оценка генетического разнообразия овец кыргызского горного мериноса с использованием анализа ядерной ДНК. Задача исследования заключается в выявлении специфических особенностей генетической структуры различных популяций этой породы и разработке научно обоснованных подходов к их сохранению и эффективному использованию в целях сохранения генетического потенциала.

**Материалы и методы.** Исследование проведено в 2026 году на базе Кыргызского национального аграрного университета имени К. И. Скрябина совместно с государственными племенными хозяйствами Кыргызской Республики. Объектом исследования послужили овцы породы кыргызский горный меринос, разводимые в трех государственных племенных заводах: ГПЗ «Оргочор» (Иссык-Кульская область), ГПЗ «Катта-Талдык» (Ошская область) и ГПЗ имени М. Н. Луцхина (Таласская область).

Общий объем исследуемой выборки составил 109 животных, характеризующихся типичными породными признаками и принадлежащих к различным племенным линиям. При формировании выборки учитывались происхождение животных, возраст, пол и принадлежность к определенному племенному хозяйству, что обеспечило репрезентативность исследуемой совокупности.

Материалом для молекулярно-генетического анализа служили образцы цельной крови, отобранные из яремной вены животных с соблюдением общепринятых ветеринарно-санитарных требований. Отбор проб осуществляли в вакуумные пробирки с антикоагулянтом EDTA. До проведения лабораторных исследований биологический материал хранился при температуре –20 °С.

Выделение геномной ДНК проводили с использованием стандартного набора для экстракции ДНК в соответствии с протоколом производителя. Качество и концентрацию выделенной ДНК определяли спектрофотометрическим методом. Полученные образцы характеризовались высокой степенью чистоты и были пригодны для проведения полимеразной цепной реакции (ПЦР).

Генотипирование животных выполняли методом полимеразной цепной реакции с последующим фрагментным анализом продуктов амплификации [15]. Для оценки генетического разнообразия использовали международную панель из 12 микросателлитных

(STR) локусов, рекомендованных Международным обществом генетики животных (ISAG) для молекулярно-генетической идентификации овец: McM042, INRA006, McM527, ETH152, CSRD247, OarFCB20, INRA172, INRA063, MAF065, MAF214, INRA005 и INRA023. Определение пола животных осуществляли с использованием локуса AMEL.

Полученные результаты генотипирования использовали для оценки аллельного разнообразия исследуемых популяций. Для каждого STR-локуса определяли число выявленных аллелей ( $N_a$ ), эффективное число аллелей ( $N_e$ ), наблюдаемую ( $H_o$ ) и ожидаемую ( $H_e$ ) гетерозиготность, индекс полиморфной информативности (PIC) и индекс фиксации ( $F_{is}$ ) [16]. Указанные показатели являются общепринятыми параметрами популяционной генетики и позволяют комплексно оценить уровень генетического разнообразия исследуемых животных.

Статистическую обработку экспериментальных данных выполняли с использованием методов биометрического анализа. Для количественных признаков рассчитывали среднее арифметическое значение ( $M$ ), стандартное отклонение ( $SD$ ) и стандартную ошибку среднего ( $m$ ) [17]. Популяционно-генетические параметры определяли с использованием специализированных программ анализа молекулярно-генетических данных. Статистическую значимость различий оценивали при уровне достоверности  $p < 0,05$ .

Проведенные исследования соответствовали общепринятым принципам биоэтики при работе с сельскохозяйственными животными. Отбор биологического материала осуществлялся с соблюдением требований гуманного обращения с животными и действующих ветеринарно-санитарных нормативов Кыргызской Республики.

**Результаты и обсуждение.** Исследование проводилось на 109 овцах породы кыргызский горный меринос, содержащихся в трех племенных хозяйствах Кыргызстана. Для проведения молекулярно-генетического изучения были отобраны биологические образцы от животных, принадлежащих племенным заводам «Оргочор», «Катта-Талдык» и им. М. Н. Луцихина. Определение генотипов осуществлялось с помощью панели из 12 микросателлитных (STR) локусов, предназначенных для оценки генетической variability и идентификации овец.

**Таблица 1. Характеристика исследуемых популяций овец кыргызского горного мериноса**

| Племенной завод        | Регион                 | n   |
|------------------------|------------------------|-----|
| ГПЗ «Оргочор»          | Иссык-Кульская область | 29  |
| ГПЗ «Катта-Талдык»     | Ошская область         | 35  |
| ГПЗ им. М. Н. Луцихина | Таласская область      | 45  |
| Всего                  | Кыргызская Республика  | 109 |

Согласно данным таблицы 1, наибольшее число животных (45 голов) было отобрано из ГПЗ им. М. Н. Луцихина, что составляет более четверти всей выборки (41,3 %). В ГПЗ «Катта-Талдык» участвовало 35 особей (32,1 %), а в ГПЗ «Оргочор» – 29 (26,6 %).

Применение данной панели локусов позволило получить информативные генотипы для всех исследуемых животных. Используемые STR-маркеры, отличающиеся высокой степенью полиморфизма, являются широко применяемыми в международной науке при изучении генетического разнообразия у сельскохозяйственных видов.

Анализ генетической изменчивости показал высокую информативность большинства исследованных локусов. Лocus CSRD247 демонстрирует наибольшее разнообразие аллелей, в то время как ETH152 характеризуется наименьшим количеством. Среднее количество аллелей на один locus превысило десять, что указывает на высокую генетическую вариативность изучаемой популяции.

Изучение представленных данных показывает высокий уровень полиморфизма у исследованных STR-локусов. В среднем на каждый локус приходится 10,5 аллелей, эффективное число аллелей достигает 4,56, что подтверждает существенную генетическую вариабельность в изучаемой популяции. Наблюдаемая гетерозиготность ( $H_o = 0,731$ ) близка к ожидаемой ( $H_e = 0,761$ ), что говорит о сохранении высокой степени генетического разнообразия. Индекс полиморфной информативности ( $PI = 0,732$ ) демонстрирует, что большинство исследованных локусов обладают высокой информативностью для определения генетического разнообразия и идентификации особей. Низкий средний индекс фиксации ( $F_{IS} = 0,040$ ) говорит об отсутствии значительного дефицита гетерозигот и указывает на то, что генетическое состояние изучаемых популяций находится в удовлетворительном состоянии.

Исследования выявили, что генофонд современных овец кыргызского горного мериноса обладает высоким уровнем генетического разнообразия, что является залогом успешного развития селекционно-племенной работы. Применение панели STR-маркеров позволило получить достоверную оценку генетической структуры породы и продемонстрировало эффективность молекулярно-генетического мониторинга в целях сохранения отечественных генетических ресурсов для будущих поколений.

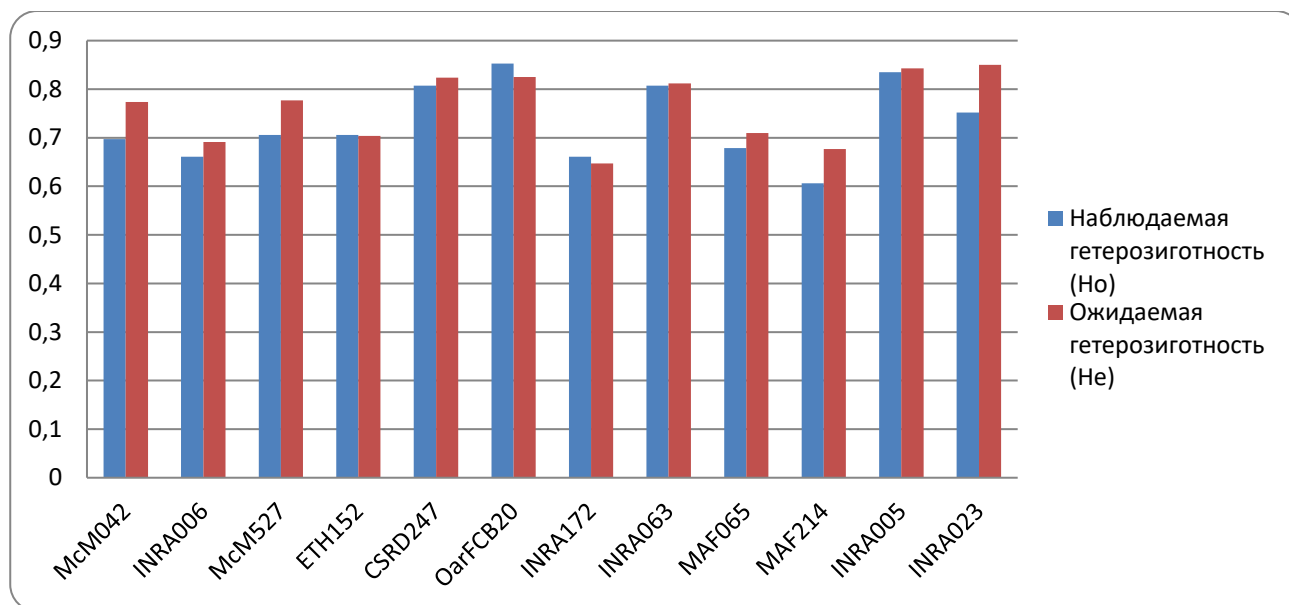


Рисунок 1. Наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность ( $H_o$  и  $H_e$ )

На рисунке 1 представлено сравнительное распределение наблюдаемой ( $H_o$ ) и ожидаемой ( $H_e$ ) гетерозиготности по 12 STR-локусам, использованным для оценки генетического разнообразия овец кыргызского горного мериноса.

Как видно из рисунка, для большинства исследованных локусов значения наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности имеют близкие величины. Это свидетельствует о сохранении достаточного уровня генетической изменчивости исследуемой популяции и отсутствии существенного нарушения генетического равновесия. Наиболее высокие значения ожидаемой гетерозиготности зарегистрированы для локусов INRA023 ( $H_e = 0,850$ ), INRA005 ( $H_e = 0,843$ ), OarFCB20 ( $H_e = 0,825$ ) и CSRD247 ( $H_e = 0,824$ ), что указывает на их высокую информативность при изучении генетического разнообразия породы.

Максимальная наблюдаемая гетерозиготность отмечена для локусов OarFCB20 ( $H_o = 0,853$ ), INRA005 ( $H_o = 0,835$ ), INRA063 ( $H_o = 0,807$ ) и CSRD247 ( $H_o = 0,807$ ). Напротив,

относительно низкие значения наблюдаемой гетерозиготности выявлены для локуса MAF214 ( $H_o = 0,606$ ), что может отражать особенности распределения аллелей в исследуемой выборке.

В среднем по исследованным локусам наблюдаемая гетерозиготность составила 0,731, тогда как ожидаемая – 0,761. Незначительное превышение ожидаемой гетерозиготности над наблюдаемой может свидетельствовать о слабой тенденции к снижению доли гетерозигот, однако полученные различия не указывают на выраженное уменьшение генетического разнообразия. В целом результаты подтверждают удовлетворительное состояние генофонда кыргызского горного меринса и возможность дальнейшего эффективного использования исследованных популяций в селекционно-племенной работе.

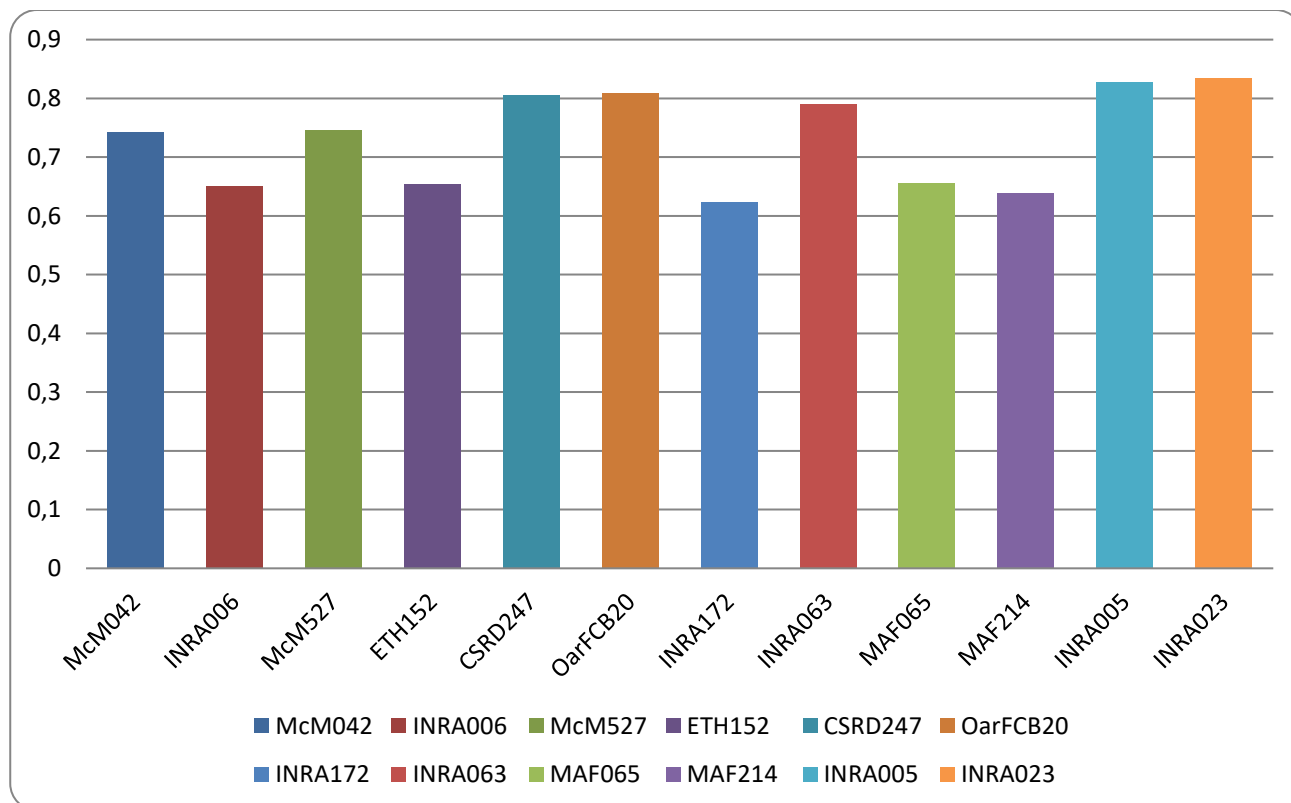


Рисунок 2. Полнотная информативность (PIC)

На рисунке 2 представлены значения полнотной информативности (PIC) для 12 исследованных STR-маркеров, использованных при оценке генетического разнообразия овец кыргызского горного меринса. Показатель PIC характеризует информативность молекулярного маркера и отражает его способность выявлять генетический полиморфизм внутри исследуемой популяции.

Как следует из рисунка, все исследованные STR-маркеры характеризуются достаточно высокой информативностью. Значения PIC варьировали от 0,624 (локус INRA172) до 0,834 (локус INRA023), при среднем значении 0,732. Согласно общепринятой классификации, локусы со значением  $PIC > 0,50$  относятся к высокоинформативным, что подтверждает целесообразность использования выбранной панели STR-маркеров для молекулярно-генетических исследований кыргызского горного меринса.

Наиболее высокие значения PIC зарегистрированы для локусов INRA023 (0,834), INRA005 (0,828), OarFCB20 (0,809), CSRD247 (0,806) и INRA063 (0,791). Высокая полнотная информативность указанных локусов свидетельствует об их значительной диагностической ценности при исследовании внутрипородного генетического разнообразия,

оценке популяционной структуры, контроле происхождения животных и проведении генетического мониторинга.

Наименьшие значения PIC отмечены для локусов INRA172 (0,624), MAF214 (0,638) и INRA006 (0,650). Несмотря на относительно более низкие показатели, данные локусы также относятся к категории высокоинформативных и могут эффективно использоваться в комплексной оценке генетической структуры популяций.

В целом результаты анализа полиморфной информативности подтверждают высокий уровень генетической вариабельности исследуемой популяции овец кыргызского горного мериноса. Используемая панель STR-маркеров обеспечивает получение достоверной информации о состоянии генофонда породы и может служить эффективным инструментом при реализации программ молекулярно-генетического мониторинга, сохранения генетических ресурсов и совершенствования селекционно-племенной работы.

Результаты исследования показывают, что популяция овец кыргызского горного мериноса имеет высокий уровень внутривидового генетического разнообразия. Близость значений наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности свидетельствует о том, что в этой популяции генотипы распределены равномерно, без признаков существенного снижения генетической вариативности. Эта закономерность подтверждает эффективность селекционно-племенной работы и умелое применение производителей в целях улучшения племенных популяций.

Некоторые STR-локусы демонстрировали более высокую степень полиморфизма по сравнению с остальными. Среди них наибольшей информативностью обладали локусы CSRD247, OarFCB20, INRA005, INRA023 и INRA063, характеризующиеся максимальными значениями PIC и ожидаемой гетерозиготности. Это позволяет использовать эти локусы для генетического мониторинга, определения происхождения животных и оценки результативности селекционных программ.

Несмотря на то что для некоторых локусов наблюдалась относительно меньшая эффективность числа аллелей и полиморфной информативности, значения PIC всё же позволяли использовать эти маркеры в молекулярно-генетических исследованиях. В итоге вся изученная панель STR-маркеров показала высокую диагностическую значимость при исследовании генетического разнообразия кыргызского горного мериноса.

Анализ индекса фиксации ( $F_{IS}$ ) играет ключевую роль в оценке генетической структуры популяции. Он отражает соотношение между наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготностью. Результаты анализа показывают отсутствие выраженного дефицита гетерозигот, что исключает существенное влияние инбридинга на исследуемые стада. Таким образом, можно утверждать, что генетическая структура популяций остается оптимальной, а система племенной работы функционирует эффективно.

Применение международной панели микросателлитных маркеров дало возможность получить достоверную оценку генетического разнообразия кыргызского горного мериноса. Результаты этих исследований имеют существенное практическое значение для формирования племенных групп, отбора родительских пар и создания программ по сохранению генетических ресурсов местных овец. Постоянный молекулярно-генетический контроль позволит оперативно выявлять любые трансформации в генетическом составе популяций, что в свою очередь предотвратит потерю генетического разнообразия и обеспечит устойчивое развитие селекционных проектов.

Исследование показало, что генофонд кыргызского горного мериноса обладает достаточной генетической изменчивостью, что открывает широкие возможности для улучшения породы в будущем. Интеграция молекулярно-генетических методов с традиционными методами селекции повысит эффективность племенной работы, позволит сохранить ценные адаптивные характеристики породы и обеспечит рациональное управление генетическим потенциалом овцеводства Кыргызстана.

**Заключение.** В ходе исследования была проведена молекулярно-генетическая оценка генофонда овец кыргызского горного мериноса. Для этого проанализирована вариабельность ядерной ДНК у 109 особей, отобранных из трех государственных племенных заводов Кыргызстана. В качестве инструмента использовалась панель из 12 STR-маркеров с высокой полиморфностью. Результаты исследования показывают, что исследуемая порода сохраняет достаточно высокий уровень генетического разнообразия. Это подтверждается обнаруженным аллельным полиморфизмом, высоким показателем гетерозиготности и полиморфной информативностью большинства изученных локусов, что указывает на богатство генетического фонда этой породы.

Использование панели STR-маркеров доказало свою эффективность в оценке генетической структуры популяций кыргызского горного мериноса. Этот метод предоставляет объективные данные о состоянии генофонда породы. Благодаря полученной информации, возможно осуществление молекулярно-генетического мониторинга, контроль над генетическим разнообразием, оптимизация выбора производителей и предупреждение снижения генетической изменчивости при проведении селекционно-племенных работ.

Результаты данного исследования имеют практическую значимость для разработки национальных программ по сохранению генетических ресурсов сельскохозяйственных животных. Они могут быть использованы для улучшения селекционных работ и повышения эффективности племенного овцеводства в Кыргызской Республике, что в свою очередь будет способствовать развитию отрасли. Дальнейшие исследования могут быть направлены на расширение выборки животных, а также на использование высокопроизводительных SNP-технологий и методов популяционной геномики. Такой подход позволит глубже понять генетическую организацию кыргызского горного мериноса и выявить генетические факторы, которые коррелируют с важными для хозяйства признаками.

#### **Список источников**

1. Ajmone-Marsan P., Garcia J. F., Lenstra J. A. On the conservation of livestock genetic resources // Journal of Animal Breeding and Genetics. 2014. Vol. 131, no. 1. P. 1–3.
2. FAO. Molecular Genetic Characterization of Animal Genetic Resources. FAO Animal Production and Health Guidelines No. 9. Rome : FAO, 2011. 84 p.
3. FAO. The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. Rome : FAO, 2015. 606 p.
4. Genetic diversity in farm animals – a review / L. F. Groeneveld, J. A. Lenstra, H. Eding [et al.] // Animal Genetics. 2010. Vol. 41 (Suppl. 1). P. 6–31.
5. Hall S. J. G. Effective management of livestock genetic diversity // Reproduction in Domestic Animals. 2016. Vol. 51 (Suppl. 1). P. 141–148.
6. ISAG. Recommendations for Parentage Verification and Genetic Identification in Sheep. International Society for Animal Genetics. 2023.
7. Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms // Molecular Biology and Evolution. 2018. Vol. 35, no. 6. P. 1547–1549.
8. Nei M. Molecular Evolutionary Genetics. New York : Columbia University Press, 1987. 512 p.
9. 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.
10. Takezaki N., Nei M., Tamura K. POPTREE2: Software for Constructing Population Trees from Allele Frequency Data // Molecular Biology and Evolution. 2010. Vol. 27, no. 4. P. 747–752.
11. Wright S. Evolution and the Genetics of Populations. Vol. 4. Variability Within and Among Natural Populations. Chicago : University of Chicago Press, 1978. 580 p.
12. Бегалиев А. Б., Сыдыков Ж. С. Генетические ресурсы сельскохозяйственных животных Кыргызстана. Бишкек : Илим, 2020. 248 с.
13. Дуйшеев А. М., Токтобаев К. Т. Современные методы молекулярной генетики

в животноводстве. Бишкек : Турар, 2022. 196 с.

14. Кадыров Б. К., Исаков Т. И. Генетические основы селекции овец в Кыргызской Республике // Вестник КНАУ. 2023. № 2. С. 45–53.
15. Кулиев А. А., Садыков Э. С. Применение STR-маркеров в оценке генетического разнообразия сельскохозяйственных животных // Зоотехния. 2021. № 10. С. 18–24.
16. Юлдашев Н. А., Абдраимов А. Т. Сохранение генетических ресурсов овец Центральной Азии // Овцы, козы, шерстяное дело. 2024. № 1. С. 12–19.
17. Zhao Y., Li D., Wang G. Population Genetic Diversity of Indigenous Sheep Breeds Revealed by STR Markers // BMC Genetics. 2021. Vol. 22. Art. 67.

### References

1. Ajmone-Marsan P, Garcia JF, Lenstra JA. On the conservation of livestock genetic resources. Journal of Animal Breeding and Genetics. 2014;131(1):1–3.
2. FAO. Molecular Genetic Characterization of Animal Genetic Resources. FAO Animal Production and Health Guidelines No. 9. Rome: FAO; 2011. 84 p.
3. FAO. The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. Rome: FAO; 2015. 606 p.
4. Groeneveld LF, Lenstra JA, Eding H, et al. Genetic diversity in farm animals – a review. Animal Genetics. 2010;41(1):6–31.
5. Hall SJG. Effective management of livestock genetic diversity. Reproduction in Domestic Animals. 2016;51(1):141–148.
6. International Society for Animal Genetics (ISAG). Recommendations for Parentage Verification and Genetic Identification in Sheep. 2023.
7. Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. Molecular Biology and Evolution. 2018;35(6):1547–1549.
8. Nei M. Molecular Evolutionary Genetics. New York: Columbia University Press; 1987. 512 p.
9. Peakall R, Smouse PE. GenAlEx 6.5: Genetic Analysis in Excel. Population Genetic Software for Teaching and Research. Bioinformatics. 2012;28(19):2537–2539.
10. Takezaki N, Nei M, Tamura K. POPTREE2: Software for Constructing Population Trees from Allele Frequency Data. Molecular Biology and Evolution. 2010;27(4):747–752.
11. Wright S. Evolution and the Genetics of Populations. Vol. 4. Variability Within and Among Natural Populations. Chicago: University of Chicago Press; 1978. 580 p.
12. Begaliev AB, Sydykov ZhS. Geneticheskie resursy sel'skokhozyaystvennykh zhivotnykh Kyrgyzstana = Genetic resources of farm animals in Kyrgyzstan. Bishkek: Ilim Publishing; 2020. 248 p. (In Russ.).
13. Duysheev AM, Toktobaev KT. Sovremennye metody molekulyarnoy genetiki v zhivotnovodstve = Modern methods of molecular genetics in animal husbandry. Bishkek: Turar Publishing; 2022. 196 p. (In Russ.).
14. Kadyrov BK, Isakov TI. Genetic basis of sheep breeding in the Kyrgyz Republic. Bulletin of the Kyrgyz National Agrarian University. 2023;(2):45–53. (In Russ.).
15. Kuliev AA, Sadykov ES. Application of STR markers for assessing genetic diversity of farm animals. Zootekhnika. 2021;(10):18–24. (In Russ.).
16. Yuldashev NA, Abdraimov AT. Conservation of sheep genetic resources in Central Asia. Ovtsy, kozy, sherstyanoje delo. 2024;(1):12–19. (In Russ.).
17. Zhao Y, Li D, Wang G. Population Genetic Diversity of Indigenous Sheep Breeds Revealed by STR Markers. BMC Genetics. 2021;22:67.

**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

07.09.2026

принята к публикации / accepted for publication

14.09.2026