



## Research Paper

<https://doi.org/10.5564/pib.v38i1.2544>

PROCEEDINGS OF  
**PIB**  
THE INSTITUTE OF BIOLOGY

## Genetic structure of the “Gaviluud” Mongolian sheep population

Tsendsuren ARIUNTUUL\* , Tsedev TSENDSUREN 

*Laboratory of Genetics, Institute of Biology, Mongolian Academy of Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia*

\*Corresponding author: [ariuntuults@mas.ac.mn](mailto:ariuntuults@mas.ac.mn), <https://orcid.org/0000-0003-1563-9301>

**Abstract.** The genetic structure of the “Gaviluud” sheep population of Khanbogd Soum, Umnugovi Province was studied by polymorphism of the multilocus DNA AG-ISSR marker. A total of 24 fragments of the AG-ISSR-DNA marker were discovered in the study, and 83.33% of them were polymorphic. The genetic makeup of the “Gaviluud” sheep population, as revealed by polymorphism of the AG-ISSR-DNA marker, differed significantly from that of the “Saintsagaan” and “Darkhad” sheep populations.

**Keywords:** Mongolian sheep, population genetic structure, DNA-ISSR marker, DNA polymorphism

Received 20 September 2022; received in revised form 31 November 2022; accepted 28 December 2022

© 2022 Author(s). This is an open access article under the [CC BY-NC 4.0 license](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/).

### Introduction

The diversity of local breeds of livestock is the basis of successful breeding and provides valuable biological characteristics such as overcoming ecological vulnerability and resistance to various diseases. For many centuries, Mongolians have mainly bred sheep among the 5-headed animals and created a rich gene pool of Mongolian sheep by producing many local breeds of sheep adapted to the unique conditions of the vast Mongolian region.

Studying the genetic characteristics of the Mongolian livestock flock is crucial for determining the genetic resources of the local livestock [1], [2], [3].

The study of the genetic structure of the Mongolian sheep population was carried out based on the analysis of protein and enzyme polymorphisms, and the genetic differences between some breeds of Mongolian sheep were determined, and it was identified that the level of the genetic evolution of the Mongolian sheep is superior to that of the Asian and European sheep breeds [2], [3].

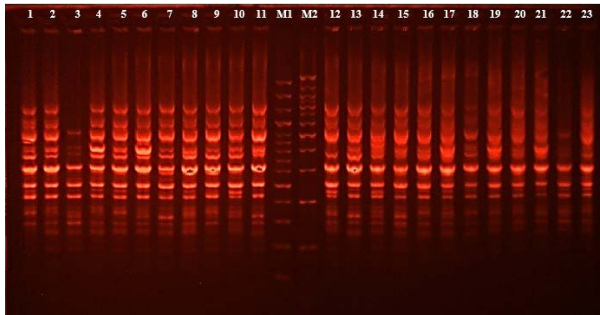
As part of the study to identify the state of the genetic resources of Mongolian livestock, we conducted the genetic structure of the “Gaviluud” sheep population of Gaviluud sum, Dundgov province, based on the DNA PCR-ISSR-DNA marker polymorphism study, which is very suitable for the reference study of the genetic structure of livestock breeds.

### Materials and Methods

The study included 60 sheep from Gaviluud Sum, Umnugovi province.

DNA was isolated from sheep blood using the ExtraGenetm DNA Prep kit (IsoGene, Moscow). PCR was conducted using GenePak PCR Core kit reagent, and AG-ISSR marker was assayed using (AG)9C primer. Polymorphisms of the ovine AG-ISSR marker were determined using 2% gel electrophoresis.

A benchmark study of the genetic structure of



**Fig. 1.** Electropherogram of AG-ISSR-DNA-marker of “Gaviluud” sheep (M1 - GenPak DNA marker 100, M2 - GenPak DNA marker 200)

sheep populations was conducted using Prichard’s STRUCTURE V2.3.4 program [4].

**Results**

The results of the ISSR marker polymorphism study into the genetic structure of the “Gaviluud” sheep population are shown in **Figs 1-5** and **Table 1**.

**Fig. 1** shows a 2% agarose gel electropherogram of

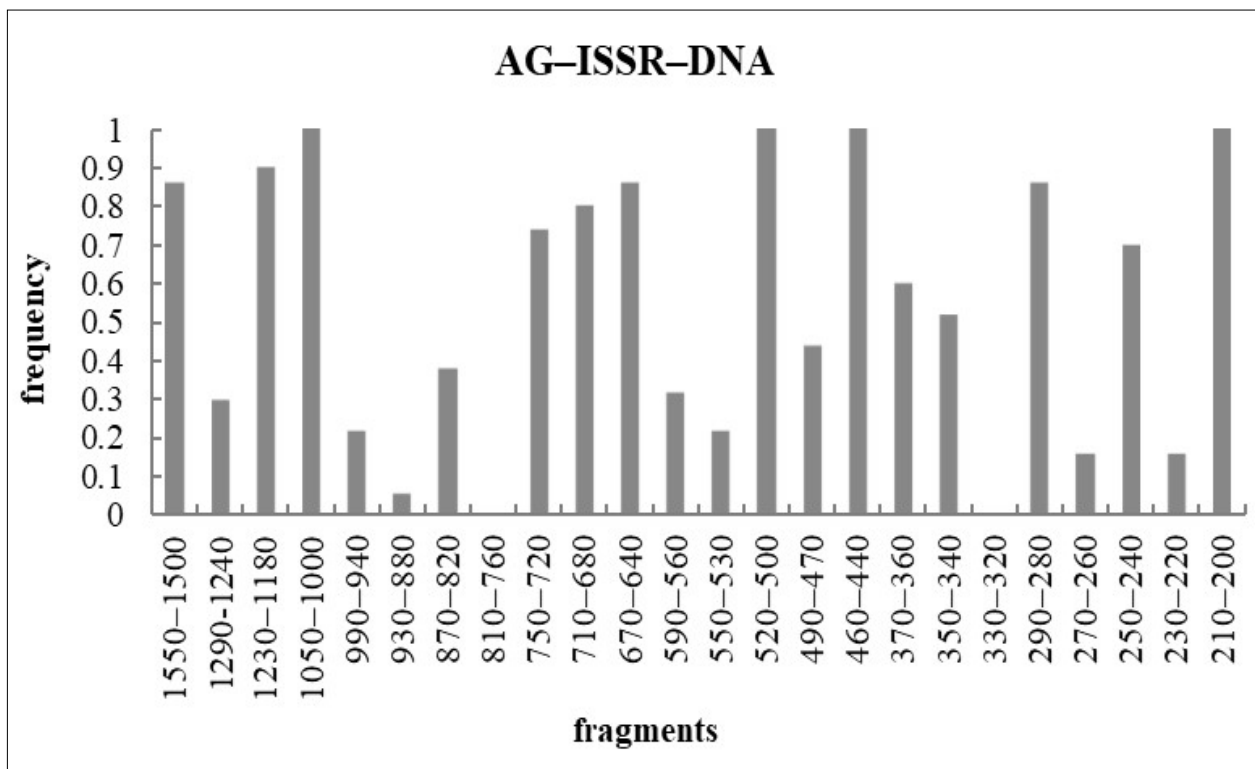
the AG-ISSR-DNA-marker of “Gaviluud” sheep.

**Fig. 2** shows the results of the genetic structure of the “Gaviluud” sheep population by AG-ISSR-DNA marker polymorphism.

In the flock of “Gaviluud” sheep, there are 24 fragments of the AG-ISSR-DNA marker, with 83.33% of those fragments being polymorphic. 4 fragments of AG-ISSR-DNA marker, A13 (1050-1000 bp), A24 (520-500 bp), A26 (460-440 bp), and A37 (210-200 bp) are found in all sheep, and 4 fragments of A10 (1230-1180 bp), A22 (590-560khn), A25 (490-470khn) and A34 (270-260khn) fragments have the highest polymorphism, 6 fragments or A9 (1290-1230 khn), A14 (990-940 khn), A18 (750-720 khn), A19 (710-680 khn), A23 (550-530 khn), and A35 (250-240 khn) polymorphic forms of fragments were observed to have an average frequency.

When comparing the genetic structure of the multilocus AG-ISSR-DNA marker polymorphism of the “Gaviluud” sheep population with that of the Khalkh sheep, it was quite different in terms of the absence of specific fragments of the AG-ISSR-DNA marker and the frequency of occurrence of the fragments.

The genetic structure represented by the AG-ISSR-DNA



**Fig. 2.** AG-ISSR-DNA-marker polymorphism of “Gaviluud”sheep



**Fig. 3.** Genetic structure of “Gaviluud” and “Saintsagaan” sheep populations represented by AG-ISSR-DNA-markers



**Fig. 4.** Genetic structure of “Gavilyu” and “Darkhad” sheep populations represented by AG-ISSR-DNA-marker

marker of the “Gaviluud” sheep population and the “Saintsagaan” and “Darkhad” sheep populations were analyzed by Prichard’s STRUCTURE V2.3.4 program [4] and divided into 2 clusters. This leads to the conclusion that the genetic structure of the two sheep populations is distinct.

**Table 1.** AG-ISSR-DNA marker polymorphisms of “Gaviluud” sheep

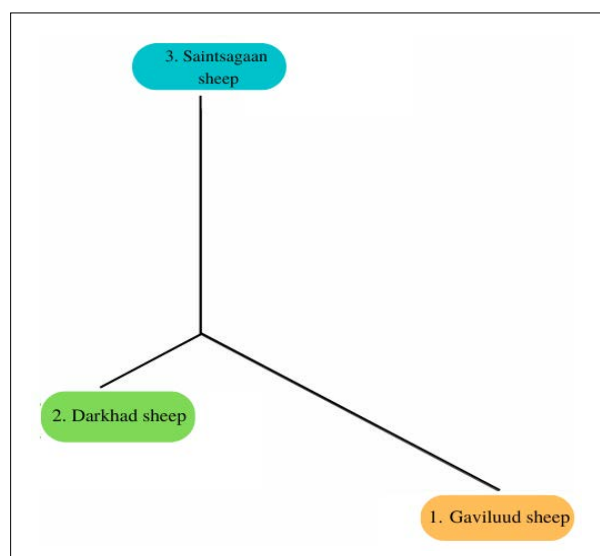
| N  | Fragments |               | Sheep number | Frequency |
|----|-----------|---------------|--------------|-----------|
|    | N         | Size, n. p    |              |           |
| 1  | A6        | 1,550 – 1,500 | 43           | 0.860     |
| 2  | A9        | 1,290 – 1,240 | 15           | 0.300     |
| 3  | A10       | 1,230 – 1,180 | 45           | 0.900     |
| 4  | A13       | 1,050 – 1,000 | 50           | 1         |
| 5  | A14       | 990 – 940     | 11           | 0.220     |
| 6  | A15       | 930 – 880     | 3            | 0.060     |
| 7  | A16       | 870 – 820     | 19           | 0.380     |
| 8  | A17       | 810 – 760     | 7            | 0,140     |
| 9  | A18       | 750 – 720     | 37           | 0.740     |
| 10 | A19       | 710 – 680     | 40           | 0.800     |
| 11 | A20       | 670 – 640     | 43           | 0.860     |
| 12 | A22       | 590 – 560     | 16           | 0.320     |
| 13 | A23       | 550 – 530     | 11           | 0.220     |
| 14 | A24       | 520 – 500     | 50           | 1         |
| 15 | A25       | 490 – 470     | 22           | 0.440     |
| 16 | A26       | 460 – 440     | 50           | 1         |
| 17 | A29       | 370 – 360     | 30           | 0.600     |
| 18 | A30       | 350 – 340     | 26           | 0.520     |
| 19 | A31       | 330 – 320     | 30           | 0,600     |
| 20 | A33       | 290 – 280     | 43           | 0.860     |
| 21 | A34       | 270 – 260     | 8            | 0.160     |
| 22 | A35       | 250 – 240     | 35           | 0.700     |
| 23 | A36       | 230 – 220     | 8            | 0.160     |
| 24 | A37       | 210 – 200     | 50           | 1         |

In **Fig. 3**, the genetic structure of the “Gaviluud” sheep population is represented by the AG-ISSR-DNA marker in red color whereas the “Saintsagaan” sheep population’s genetic structure is depicted in green. **Fig. 4** displays the genetic structure of the “Gaviluud” sheep population, as represented by the AG-ISSR-DNA marker in red, and the genetic structure of the “Darhad” sheep population in green.

**Fig. 5** shows the distance of the genetic structure of “The Saintsagaan”, “Darkhad” and “Gaviluud” sheep. In terms of the genetic structure of the herd, it is clear from the figure that “Gaviluud” sheep are distinct from the “Saintsagaan” and “Darkhad” sheep.

**Discussion**

It was observed that the AG-ISSR marker is more suitable for expressing the genetic structure of the



**Fig. 5.** Phylogenetic mapping of “Saintsagaan”, “Darkhad” and “Gaviluud” sheep populations

Mongolian sheep flock due to its high information content [5]. Therefore, we conducted a study of the genetic structure of “Gaviluud” sheep based on AG-ISSR marker polymorphism.

In the “Gaviluud” sheep population, a total of 24 fragments of the AG-ISSR-DNA marker were discovered, and 83.33% of them were polymorphic fragments while there were 26 fragments of the AG-ISSR-DNA marker in the “Saintsagaan” sheep population, and the percentage of polymorphic fragments was 84.61% whereas in the “Darkhad” sheep breeds, 23 fragments of AG-ISSR-DNA marker occurred in the population, and the percentage of the polymorphic fragment was 82.6%, indicating that the level of polymorphism of AG-ISSR marker in the population of “Gaviluud” sheep is average compared to the other two sheep breeds.

According to the study, It was found that 4 fragments of the AG-ISSR marker that aren't present in the “Gaviluud” sheep population are present in the other two sheep breed, whereas one fragment of the marker that is present in the “Gaviluud” sheep population is absent from the “Saintsagaan” and “Darkhad” sheep populations. When comparing the genetic structure of AG-ISSR-DNA marker in “Gaviluud” sheep population with that of “Saintsagaan” and “Darkhad” sheep breeds, it was observed that the genetic structure of “Gavillud” sheep is distinct from other breeds of Mongolian sheep as a consequence of breeding and selection activity.

## Summary

The presence of 24 fragments of AG-ISSR-DNA marker with a polymorphism of 83.33% was determined in the “Gaviluud” sheep population.

According to the comparison of the genetic structure by the polymorphism of the AG-ISSR-DNA marker of the “Gaviluud” sheep population with that of other Mongolian sheep breeds, the “Gaviluud” sheep have a unique genetic structure.

## References

- [1] T. Janchiv, *Genetic structure of Mongolian cattle and yak populations*. Ulaanbaatar: Publishing House of the Academy of Sciences, 1987.
- [2] T. Tsendsuren and T. Janchiv, “Study of the genetic structure of some native sheep breeds,” *Proc. Acad. Sci.*, vol. 4, pp. 30–34, 1988.
- [3] K. Tsunoda *et al.*, “Apolipoprotein E polymorphism and plasma lipid levels in Native Mongolian sheep,” *Biochem. Genet.*, vol. 37, no. 11–12, pp. 357–368, Dec. 1999, <https://doi.org/10.1023/a:1018767512483>.
- [4] J. K. Pritchard, M. Stephens, and P. Donnelly, “Inference of population structure using multilocus genotype data,” *Genetics*, vol. 155, no. 2, pp. 945–959, Jun. 2000, <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>.
- [5] T. Tsendsuren, T. Ariuntuul, E. G. Sulimova, and T. Janchiv, “Study of genetic structure of some Mongolian sheep breeds,” *Proc. Inst. Biol.*, vol. 28, pp. 20–25, 2011.



## “Гавилууд” хонины сүргийн генетик тогтоц

Цэндсүрэн Ариунтуул\* , Цэдэв Цэндсүрэн 

Шинжлэх ухааны академи, Биологийн хүрээлэн, Генетикийн лаборатори, Улаанбаатар, Монгол Улс

\*Холбоо барих зохиогч: [ariuntuults@mas.ac.mn](mailto:ariuntuults@mas.ac.mn), <https://orcid.org/0000-0003-1563-9301>

**Хураангуй.** Өмнөговь аймгийн Ханбогд сумын “Гавилууд” хонины популяцийн генетик тогтцыг мултилокусын ДНХ-ийн AG-ISSR маркерын полиморфизмоор төлөөлүүлэн судлав. “Гавилууд” хонины популяцид AG-ISSR-DNA маркерын полиморфизмыг судлахад AG-ISSR-DNA маркерын 24 фрагмент тохиолдож байгаа ба AG-ISSR маркерын 83.33% нь полиморф байгааг илрүүлэв. “Гавилууд” хонины популяцийн AG-ISSR-DNA маркерын полиморфизмоор илэрхийлсэн генетик тогтоц “Сайнцагаан” болон “Дархад” үүлдрийн хониныхоос статистикийн хувьд бодитойгоор ялгаатай байв.

**Түлхүүр үгс:** Монгол хонь, популяцийн генетик тогтоц, ДНХ-ISSR маркер, ДНХ-полиморфизм

Хүлээн авсан 2022.09.20; хянан тохиолдуулсан 2022.11.31; зөвшөөрсөн 2022.12.28

© 2022 Зохиогчид. [CC BY-NC 4.0 лиценз](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/).

### Оршил

Нутгийн үүлдрийн малын олон төрөл хэлбэр нь үржил селекцийн ажлын амжилтын үндэс бөгөөд экологийн эмзэг байдлыг даван туулах, янз бүрийн өвчин үүсгэгчид тэсвэртэй байх зэрэг биологийн үнэт шинж чанарыг нөхцөлдүүлж байдаг. Монголчууд олон зууны турш 5 хошуу малын дотор хонийг зонхилон үржүүлж монгол орны өргөн уудам нутгийн өвөрмөц нөхцөлд зохицсон нутгийн олон омгийн хонийг гаргаснаар монгол хонины баялаг генофондыг бий болгожээ.

Монгол малын популяцийн генетик онцлогийг судлах нь нутгийн малын генетик нөөцийг тогтооход чухал ач холбогдолтой юм [1], [2], [3].

Монгол хонины популяцийн генетик тогтцын судалгааг уураг, ферментийн полиморфизмын шинжилгээнд түшиглэн хийж, монгол хонины зарим үүлдрийн хоорондын генетик ялгааг тодорхойлсон бөгөөд генетик хувьслын түвшингээрээ монгол хонь нь Ази, Европын үүлдрийн хониноос их давуутайг

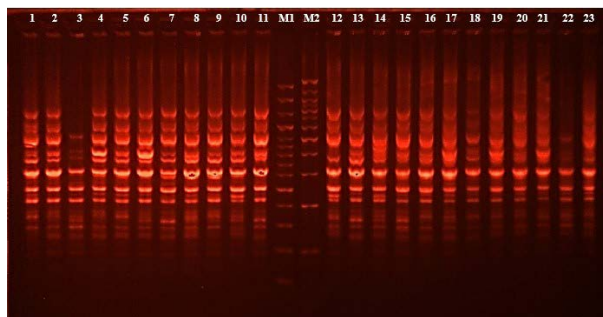
тогтоожээ [2], [3].

Монгол малын генетик нөөцийн төлөв байдлыг тогтоох судалгааны хүрээнд бид Дундговь аймгийн Гавилууд сумын “Гавилууд” хонины сүргийн генетик тогтцыг малын үүлдрийн генетик тогтцын жишил судалгаанд ихэд тохиромжтой ДНХ-ийн PCR-ISSR-DNA маркерын полиморфизмын судалгаанд түшиглэн хийв.

### Судалгааны материал, арга зүй

Судалгаанд Өмнөговь аймгийн Гавилууд сумын 60 хонийг хамруулав.

Хонины цуснаас ДНХ-ийг ExtraGenetm DNA Prep китийн (IsoGene, Moscow) аргаар ялгав. Ген олшруулах PCR-ын урвалыг GenePak PCR Core китийн урвалжаар явуулж, AG-ISSR маркерыг (AG)9C праймераар нийлэгжүүлэв. Хонины AG-ISSR маркерын полиморфизмыг 2%-ийн гель электрофорезийг ашиглан тодорхойлов.



**1-р зураг.** “Гавилууд” хонины AG-ISSR-DNA-маркерын электрофореграмм. (M1 - GenPak DNA marker 100, M2 - GenPak DNA marker 200)

Хонины популяцийн генетик тогтцын жишил судалгааг Причардын STRUCTURE V2.3.4. [4] программыг ашиглан хийв.

### Судалгааны үр дүн

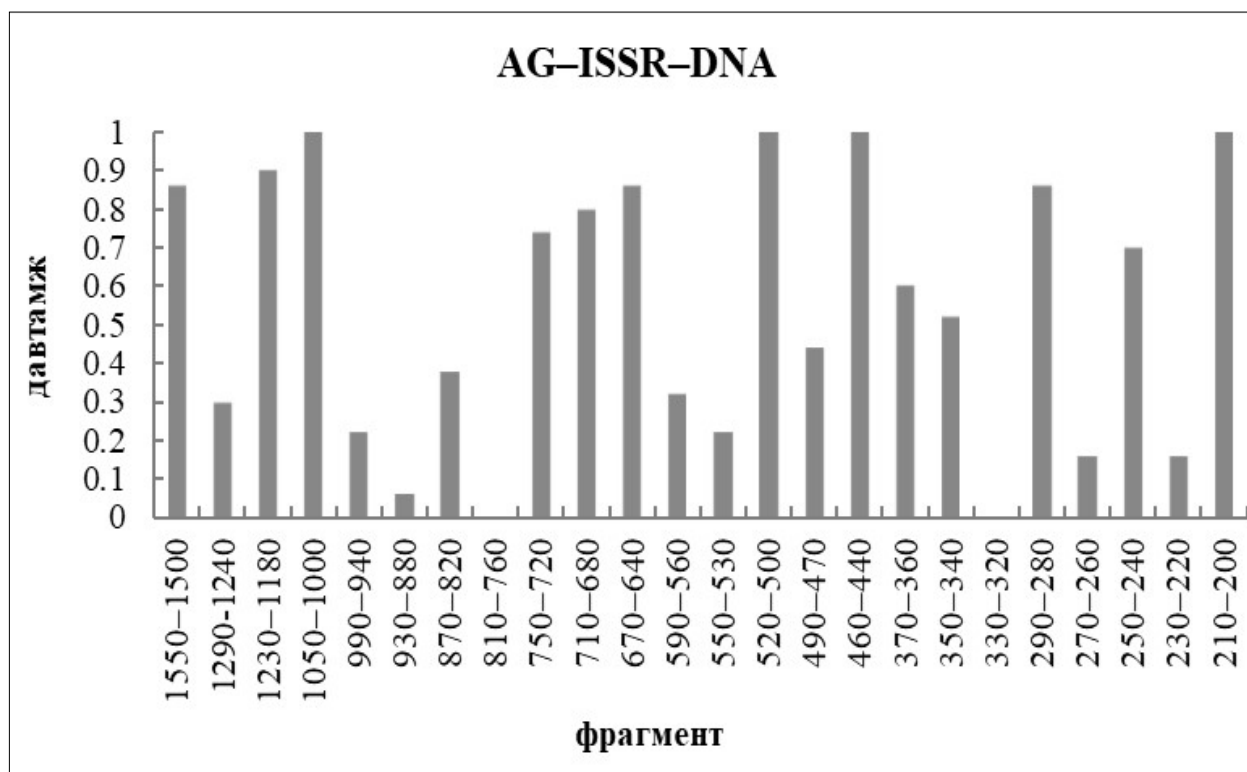
Бид “Гавилууд” хонины популяцийн генетик тогтцын судалгааг ISSR маркерын полиморфизмоор төлөөлүүлэн судласан дүнг **1-5-р зураг** ба **1-р хүснэгт** дээр харуулав.

“Гавилууд” хонины сүргийн генетик тогтцыг AG-ISSR-DNA маркерын полиморфизмоор төлөөлүүлэн тогтоосон дүнг 2-р зураг дээр харуулав.

“Гавилууд” хонины популяцид AG-ISSR-DNA маркерын 24 фрагмент байгаа бөгөөд AG-ISSR-DNA маркерын полиморф фрагментийн хувь 83.33% байв. AG-ISSR-DNA маркерын 4 фрагмент буюу A13 (1,050-1,000 хн), A24 (520-500 хн), A26 (460-440 хн) ба A37 (210-200 хн) фрагментүүд бүх хонинд тохиолдож байгаа ба 4 фрагмент буюу A10 (1,230-1,180 хн), A22 (590-560 хн), A25 (490-470 хн) ба A34 (270-260 хн) фрагментийн полиморф хэлбэршил хамгийн их, 6 фрагмент буюу A9 (1,290-1,230 хн), A14 (990-940 хн), A18 (750-720 хн), A19 (710-680 хн), A23 (550-530 хн), ба A35 (250-240 хн) фрагментүүдийн полиморф хэлбэр нь дундаж давтамжтай байгаа нь ажиглагдлаа.

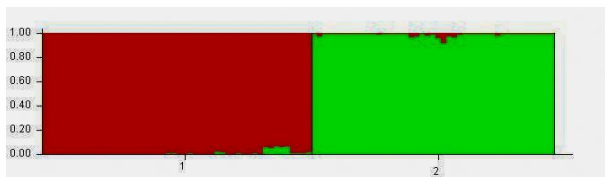
“Гавилууд” хонины популяцийн мультилокусын AG-ISSR-DNA маркерын полиморфизмоор илэрхийлсэн генетик тогтцыг халх хониныхтой харьцуулан үзэхэд AG-ISSR-DNA маркерын тодорхой фрагментүүдийн илэрч байгаа үгүйгээрээ болон фрагментүүдийн тохиолдох давтамжаараа нэлээд ялгаатай байв.

“Гавилууд” хонины популяцийн AG-ISSR-DNA



**2-р зураг.** “Гавилууд” хонины AG-ISSR-DNA маркерын полиморфизм





**3-р зураг.** AG-ISSR-DNA-маркераар төлөөлүүлэн илэрхийлсэн “Гавилууд” ба “Сайнцагаан” хонины сүргийн генетик тогтоц



**4-р зураг.** AG-ISSR-DNA-маркераар төлөөлүүлэн илэрхийлсэн “Гавилууд” ба “Дархад” хонины сүргийн генетик тогтоц

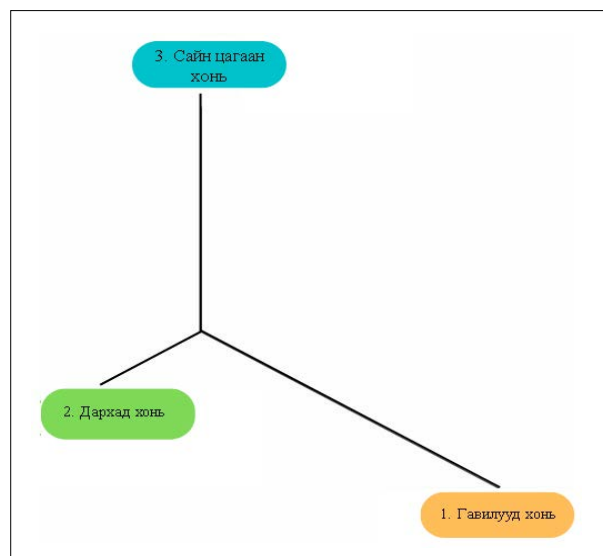
маркераар төлөөлүүлэн илэрхийлсэн генетик тогтцыг “Сайнцагаан” ба “Дархад” хонины популяциудтай Причардын STRUCTURE V2.3.4 [4] программаар боловсруулан 2 кластерт хуваагдаж байгаагаар нь жишин үзэхэд уг хоёр хонины сүргийн генетик тогтоц илтэд ялгаатай байгаа нь харагдаж байна.

**1-р хүснэгт.** “Гавилууд” хонины AG-ISSR-DNA маркерын полиморфизм

| Д/д | Фрагмент |               | Хонины тоо | Давтамж |
|-----|----------|---------------|------------|---------|
|     | №        | Хэмжээ, х.н   |            |         |
| 1   | A6       | 1,550 – 1,500 | 43         | 0.860   |
| 2   | A9       | 1,290 – 1,240 | 15         | 0.300   |
| 3   | A10      | 1,230 – 1,180 | 45         | 0.900   |
| 4   | A13      | 1,050 – 1,000 | 50         | 1       |
| 5   | A14      | 990 – 940     | 11         | 0.220   |
| 6   | A15      | 930 – 880     | 3          | 0.060   |
| 7   | A16      | 870 – 820     | 19         | 0.380   |
| 8   | A17      | 810 – 760     | 7          | 0,140   |
| 9   | A18      | 750 – 720     | 37         | 0.740   |
| 10  | A19      | 710 – 680     | 40         | 0.800   |
| 11  | A20      | 670 – 640     | 43         | 0.860   |
| 12  | A22      | 590 – 560     | 16         | 0.320   |
| 13  | A23      | 550 – 530     | 11         | 0.220   |
| 14  | A24      | 520 – 500     | 50         | 1       |
| 15  | A25      | 490 – 470     | 22         | 0.440   |
| 16  | A26      | 460 – 440     | 50         | 1       |
| 17  | A29      | 370 – 360     | 30         | 0.600   |
| 18  | A30      | 350 – 340     | 26         | 0.520   |
| 19  | A31      | 330 – 320     | 30         | 0,600   |
| 20  | A33      | 290 – 280     | 43         | 0.860   |
| 21  | A34      | 270 – 260     | 8          | 0.160   |
| 22  | A35      | 250 – 240     | 35         | 0.700   |
| 23  | A36      | 230 – 220     | 8          | 0.160   |
| 24  | A37      | 210 – 200     | 50         | 1       |

3-р зураг дээр AG-ISSR-DNA маркераар төлөөлүүлэн улаан өнгөөр “Гавилууд” хонины сүргийн генетик тогтоцыг, ногоон өнгөөр “Сайнцагаан” хонины сүргийн генетик тогтоцыг, 4-р зураг дээр AG-ISSR-DNA маркераар төлөөлүүлэн улаан өнгөөр “Гавилууд” хонины сүргийн генетик тогтоцыг, ногоон өнгөөр “Дархад” хонины сүргийн генетик тогтоцыг харуулсан болно.

5-р зураг дээр “Сайнцагаан”, “Дархад” ба “Гавилууд” хонины генетик тогтцын алслалтыг харуулав. Уг зургаас харахад “Гавилууд” хонь нь “Сайнцагаан” ба “Дархад” хониноос сүргийн генетик тогтцоороо нэлээд холдсон байгаа нь харагдаж байна.



**5-р зураг.** “Сайнцагаан”, “Дархад” ба “Гавилууд” хонины сүргийн филогенетик зураглал

## Хэлэлцүүлэг

Монгол хонины популяцийн генетик тогтоцийг илэрхийлэхэд AG-ISSR маркер нь мэдээллийн агууламж ихтэй учир илүү тохиромжтой нь ажиглагдсан юм [5]. Иймээс бид “Гавилууд” хонины генетик тогтцын судалгааг AG-ISSR маркерын полиморфизмд түшиглэн хийсэн болно.

“Гавилууд” хонины популяцид AG-ISSR-ДНХ маркерын 24 фрагмент байгаа бөгөөд энэ маркерын полиморф фрагментийн 83.33% байсан ба Сайнцагаан хонины популяцид AG-ISSR-ДНХ маркерын 26 фрагмент тохиолдож байсан бөгөөд AG-ISSR маркерын полиморф фрагментийн хувь 84.61% байгаа ба Дархад хонины популяцид AG-ISSR-ДНХ маркерын 23 фрагмент тохиолдож байсан бөгөөд AG-ISSR маркерын полиморф фрагментийн хувь 82.6% байгаагаас үзэхэд “Гавилууд” хонины популяцийн AG-ISSR маркерын полиморфизмын төвшин нөгөө 2 хониныхтой харьцуулахад дундаж байгааг харуулж байна.

“Гавилууд” хонины популяцид тохиолдож байгаа AG-ISSR маркерын 1 фрагмент “Сайнцагаан” болон “Дархад” хонины популяциудад байхгүй байгаа бөгөөд “Гавилууд” хонины популяцид байхгүй 4 фрагмент нь нөгөө 2 популяцид байгаа нь ажиглагдлаа. “Гавилууд” хонины популяцид AG-ISSR-ДНХ маркерын генетик тогтцыг “Сайнцагаан” болон “Дархад” хониныхтой харьцуулан үзэхэд “Гавилууд” хонины сүрэгт явуулсан үржил селекцийн ажлын үр дүнд монгол хонины бусад үүлдрээс ялгаатай генетик тогтоцтой болох нь ажиглагдлаа.

## Дүгнэлт

“Гавилууд” хонины популяцид 83.33%-ийн полиморфизм бүхий AG-ISSR-DNA маркерын 24 фрагмент байгааг илрүүлэв.

“Гавилууд” хонины популяцийн AG-ISSR-DNA маркерын полиморфизмоор илэрхийлсэн генетик тогтцыг бусад үүлдрийн хониныхтой харьцуулсан үзүүлэлтүүдээс үзэхэд “Гавилууд” хонь нь өвөрмөц генетик тогтоц бүхий үүлдрийн онцлогтой болсон байна.

## Ашигласан бүтээл

- [1] Ц. Жанчив. *Монгол үхэр, сарлагийн популяцийн генетик тогтоц*. Улаанбаатар: Шинжлэх ухааны академийн хэвлэх газар, 1987.
- [2] Ц. Цэндсүрэн ба Ц. Жанчив. “Шилмэл зарим омгийн хонины генетик тогтоцын судалгаа”. *Шинжлэх Ухааны Академийн Мэдээ*, vol. 4, pp. 30–34, 1988.
- [3] K. Tsunoda *et al.*, “Apolipoprotein E polymorphism and plasma lipid levels in Native Mongolian sheep,” *Biochem. Genet.*, vol. 37, no. 11–12, pp. 357–368, Dec. 1999, <https://doi.org/10.1023/a:1018767512483>.
- [4] J. K. Pritchard, M. Stephens, and P. Donnelly, “Inference of population structure using multilocus genotype data,” *Genetics*, vol. 155, no. 2, pp. 945–959, Jun. 2000, <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>.
- [5] T. Tsendsuren, T. Ariuntuul, E. G. Sulimova, and T. Janchiv, “Study of genetic structure of some Mongolian sheep breeds,” *Proc. Inst. Biol.*, vol. 28, pp. 20–25, 2011.