



М.С. Форнара ✉
А.С. Абдельманова
Н.Ф. Бакоев
Н.А. Зиновьева

Федеральный исследовательский центр
животноводства — ВИЖ им. академика
Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, Подольский
р-н, Московская обл., Россия

✉ margaretfornara@gmail.com

Поступила в редакцию: 26.06.2024

Одобрена после рецензирования: 01.10.2024

Принята к публикации: 18.10.2024

© Форнара М.С., Абдельманова А.С., Бакоев Н.Ф.,
Зиновьева Н.А.



Margaret S. Fornara ✉
Aleksandra S. Abdelmanova
Nekruz F. Bakoev
Natalia A. Zinovieva

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal
Husbandry, Dubrovitsy, Podolsk, Moscow
region, Russia

✉ margaretfornara@gmail.com

Received by the editorial office: 26.06.2024

Accepted in revised: 01.10.2024

Accepted for publication: 18.10.2024

© Fornara M.S., Abdelmanova A.S., Bakoev N.F.,
Zinovieva N.A.

Разработка системы анализа участка митохондриального генома (*Cyt B*) из образцов крупного рогатого скота разных временных периодов

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Исследования популяционного генетического разнообразия проливают свет на генетический состав различных пород и могут дать ценную информацию об эволюции пород и видов. Среди многочисленных доступных молекулярных маркеров митохондриальная ДНК (мтДНК) широко используется для изучения генетического разнообразия и анализа филогенетических связей у различных пород и популяций сельскохозяйственных животных. Цитохром b (*Cyt B*) представляет собой ген мтДНК, который широко используется для определения филогенетических связей у домашних животных из-за вариабельности его последовательностей.

Цель работы — разработка тест-системы, позволяющая получить полную последовательность гена *Cyt B* для дальнейшей оценки генетического разнообразия и филогенетических связей различных пород и популяций крупного рогатого скота.

Методы. Для разработки тест-системы были использованы экстракты ДНК, полученные из археологических образцов крупного рогатого скота, датированных XIII–XIV вв. ($n = 10$). Для амплификации гена *Cyt B* (Цитохром b) мтДНК КРС были подобраны четыре пары праймеров, перекрывающих друг друга, общей длины 1189 п. н. между позициями 14480–15669 мтДНК.

Результаты. Анализ филогенетического дерева показал группировку археологических образцов с представителями гаплогрупп T1, T2, T3 и T5. Медианная сеть позволила уверенно отнести археологические образцы к *Bos Taurus*, а не к *Bos Indicus*. В результате исследования выявлено, что мощности анализа по последовательности *Cyt B* не хватает, чтобы разделить гаплогруппы внутри тауринного скота, так как последовательность цитохрома B более консервативна по сравнению с другими участками митохондриального генома. Для уверенной идентификации гаплогрупповой принадлежности следует использовать более полиморфные области митохондриального генома, например последовательность D-петли.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, древняя ДНК, митохондриальный геном, *Cyt B*, гаплогруппы

Для цитирования: Форнара М.С., Абдельманова А.С., Бакоев Н.Ф., Зиновьева Н.А. Разработка системы анализа участка митохондриального генома (*Cyt B*) из образцов крупного рогатого скота разных временных периодов. *Аграрная наука*. 2024; 388(11): 75–81.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-388-11-75-81>

Development of a system to analyse the mitochondrial genome region (*Cyt B*) of cattle samples of different time periods

ABSTRACT

Relevance. Population genetic diversity studies shed light on the genetic composition of different breeds and can provide valuable information about the evolution of breeds and species. Among the numerous available molecular markers, mitochondrial DNA (mtDNA) is widely used to study genetic diversity and analyze phylogenetic relationships in various breeds and populations of livestock. Cytochrome b (*Cyt B*) is an mtDNA gene that is widely used to determine phylogenetic relationships in domestic animals due to its sequence variability.

The aim of the work is to develop a test system that makes it possible to obtain the complete sequence of the *Cyt B* gene for further assessment of the genetic diversity and phylogenetic relationships of various breeds and populations of cattle.

Methods. To develop the test system, DNA extracts obtained from archaeological samples of cattle dated the 13th–14th centuries were used ($n = 10$). To amplify the *Cyt B* (Cytochrome b) mtDNA gene of cattle, four pairs of primers were selected, overlapping each other, with a total length of 1189 bp. between positions 14480–15669 mtDNA.

Results. Analysis of the phylogenetic tree showed that archaeological samples grouped with haplogroups T1, T2, T3 and T5. The median network allowed the archaeological samples to be confidently classified as *Bos Taurus* rather than *Bos Indicus*. As a result of the study, it was revealed that the power of analysis using the *Cyt B* sequence is not enough to separate haplogroups within taurine cattle, because the Cytochrome b sequence is more conserved compared to other regions of the mitochondrial genome. More polymorphic regions of the mitochondrial genome, such as the sequence of the D-loop, should be used to confidently identify haplogroup membership.

Key words: cattle, ancient DNA, mitochondrial genome, *Cyt B*, haplogroups

For citation: Fornara M.S., Abdelmanova A.S., Bakoev N.F., Zinovieva N.A. Development of a system to analyse the mitochondrial genome region (*Cyt B*) from cattle samples of different time periods. *Agrarian science*. 2024; 388(11): 75–81 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-388-11-75-81>

Введение/Introduction

Согласно отчету FAO, всего в мире зарегистрировано 8859 пород животных и птицы, в том числе 7739 — локальных (то есть зарегистрированных только в одной стране). В настоящее время около 600 пород классифицируются как вымершие¹.

Угроза биоразнообразию возрастает в связи с потерей генетического разнообразия видов, используемых в сельском хозяйстве. В связи с тем что за последние десятилетия животноводство было нацелено на использование ограниченного количества высокопродуктивных пород крупного рогатого скота, это привело к заметному уменьшению многообразия и численности местного скота не только в России [1], но и во всем мире [2, 3]. По большей части игнорируются генетические ресурсы пород, адаптированных к местным условиям, с их уникальными характеристиками.

Отсутствие достаточной информации о ресурсах локальных пород, включая их нынешнее генетическое разнообразие и уровень инбридинга, приводит к трудностям в разработке эффективных стратегий сохранения.

Среди многочисленных доступных молекулярных маркеров митохондриальная ДНК (мтДНК) широко используется для изучения генетического разнообразия и анализа филогенетических связей у различных пород и популяций сельскохозяйственных животных [4–6].

Искусственное осеменение, получившее широкое распространение во второй половине XX века, а также массовое использование коммерческих пород для улучшения локальных привели к резкому снижению генетического разнообразия и значительным изменениям генофонда пород [7]. Поэтому проведение филогенетических исследований подразумевает вовлечение в исследование исторических образцов ДНК, полученных из костного порошка черепов и других скелетных элементов (зубы, рога и т. д.), хранящихся в музейных коллекциях [8, 9] или полученных в ходе археологических исследований [10]. При этом работа с данными образцами сопряжена с рядом сложностей, одной из которых является подготовка к депонированию, включающая ряд агрессивных химических воздействий, что приводит к существенной деградации нуклеиновых кислот, в связи с чем получение достаточного количества ядерной ДНК не всегда возможно, в отличие от митохондриальной, количество копий которой в одной клетке от 100 до 1000 [11].

Митохондриальный геном крупного рогатого скота представляет собой кольцевую молекулу, состоящую примерно из 16,4 тыс. п. о., и функционально делится на регуляторный, некодирующий и кодирующий регионы. В состав мтДНК входят 37 генов (13 — для белков дыхательной цепи, 22 — для тРНК, 2 — для рРНК) и 1 некодирующая область — D-петля [12].

МтДНК характеризуется такими замечательными свойствами, как материнское наследование, большое число копий и высокая скорость мутаций без рекомбинации [13–15]. Высокое количество копий мтДНК по сравнению с ядерной ДНК делает ее идеальным инструментом для анализа сильно деградированной ДНК.

Цитохром b (*Cyt B*) представляет собой ген мтДНК, который широко используется для определения филогенетических связей у домашних животных из-за вариативности его последовательностей [16–22]. Полное секвенирование гена

Cyt B — это трудоемкий и кропотливый процесс из-за его размера (около 1140 п. о.). Более того, *Cyt B* относится к белок-кодирующим генам, который имеет обширную филогенетическую информацию внутривидового и межвидового характера и более высокий коэффициент вариаций по сравнению с другими функциональными генами [23]. Следовательно, мтДНК *Cyt B* играет огромную роль в определении генетического разнообразия и филогенетических взаимоотношений.

Цель работы — разработка тест-системы, позволяющая получить полную последовательность гена *Cyt B* для дальнейшей оценки генетического разнообразия и филогенетических связей различных пород и популяций крупного рогатого скота.

Материалы и методы исследования /

Materials and methods

В качестве биологического материала для выделения ДНК был использован костный порошок, полученный из фрагментов костей, предварительно очищенных от механических примесей, обработанных детергентом и ультрафиолетовым облучением для предотвращения контаминации экзогенной ДНК. Данные образцы крупного рогатого скота, содержащегося на территории средневекового Ярославля (XIII–XIV вв.) (n = 10), были получены из биокolleкции Института археологии РАН.

Исследование проводили в 2024 году на базе Центра коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства» — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста.

ДНК выделяли с использованием набора COrDIS «Экстракт» (ООО «Гордиз», Россия) Декальцин в соответствии с рекомендациями производителя. Для амплификации гена *Cyt B* (Цитохром b) мтДНК КРС были подобраны четыре пары праймеров, перекрывающих друг друга, общей длины 1189 п. н. между позициями 14480–15669 мтДНК, что позволяет амплифицировать полную последовательность гена *Cyt B* (Цитохром b) КРС между позициями 14514–15653 мтДНК.

Праймеры были подобраны в соответствии с референсной последовательностью мтДНК КРС, представленной в базе Национального центра биотехнологической информации NCBI (GenBank: NC_006853.1) с помощью онлайн-ресурса Basic² (табл. 1).

ПЦР-амплификацию проводили на термоциклере Applied Biosystems SimpliAmp (Thermo-Fisher Scientific, Inc., США) в конечном объеме 25 мкл, в том числе 2,5 мкл реакционного буфера (10X Taq Turbo буфер) («Евроген», Россия), 16,8 мкл H₂O, 2,5 мкл dNTPs, 1 мкл

Таблица 1. Последовательность праймеров для амплификации гена *Cyt B* (Цитохром b) археологической ДНК КРС

Table 1. Sequence of primers for amplification of the *Cyt B* gene (Cytochrome b) of archaeological cattle DNA

Н. п.	Последовательность	Позиция	G/C, %	Размер ПЦР
1	F-5'-AAA CCA TCG TTG TCA TTC AAC TAC-3'	14480–14503	43	341
	R-5'-TAA GCC TCG TCC TAC GTG C-3'	14819–14801	52	
2	F-5'-CCG ATA CAT ACA CGC AAA CGG-3'	14750–14770	52	345
	R-5'-TGG CAA TTG CTA TGA TGA TAA ATG G-3'	15093–15069	36	
3	F-5'-AGC AAC CCT TAC CCG ATT CTT C-3'	15029–15050	50	349
	R-5'-AGT TTG TTG GGG ATT GAT CGT AAG-3'	15376–15353	42	
4	F-5'-ACA CCC CCT CAC ATC AAA CC-3'	15303–15322	55	368
	R-5'-GTA CTA CAA AGA CCT GTC TTC ATT T-3'	15669–15645	36	

¹ Local Alignment Search Tool (BLAST. <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>) <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/c8121641-5385-404f-bf98-6a584bec2e7b/content>
² <https://code-basics.com/ru>

смеси праймеров 10 пмоль, 0,2 мкл SmartTaq ДНК полимеразы («Диалат Лтд.», Россия), 1 мкл ДНК.

Условия температурно-временного режима ПЦР были следующими: начальная денатурация (94 °C в течение 3 мин.); 94 °C в течение 10 сек., 64 °C в течение 15 сек., 72 °C в течение 45 сек. (40 циклов); заключительная элонгация (72 °C в течение 7 мин.).

Очистку ампликонов проводили с использованием набора для очистки ДНК из реакционной смеси и агарозного геля Cleanup-Mini («Евроген», Россия).

Последовательности ДНК определяли секвенированием по Сэнгеру на генетическом анализаторе «Нанофор 05» (ООО НПФ «Синтол», Россия) с использованием набора GenSeq (ООО «НПФ «Синтол», Россия) согласно инструкциям производителя.

Выравнивание результатов секвенирования проводили на основе полной последовательности мтДНК (GenBank: NC_006853.1) с использованием программ BioEdit 7.2.

Расчеты и построение филогенетического дерева осуществляли методом максимального правдоподобия в программе MEGA X (www.megasoftware.net).

Для определения принадлежности исследуемых образцов КРС к известным гаплогруппам из базы NCBI были отобраны последовательности мтДНК крупного рогатого скота, относящиеся к гаплогруппам T1, T2, T3, T4, T5, Q, R, P, I и C (табл. 2).

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Для определения наилучшего условия температурного режима отжига праймеров проводили градиентный ПЦР. Детекцию результатов ПЦР выполняли в 1%-ном агарозном геле с использованием колориметрической системы документации на геле Uvitec FireReader V10 imaging System (Cleaver scientific, Великобритания) (рис. 1–3).

Результаты секвенирования ампликонов, полученных из четырех пар праймеров, были выровнены на основе референсной последовательности GenBank: NC_006853.1 и соединены между собой (рис. 4–8).

Общая длина нуклеотидной последовательности при сборке составила 1194 п. н., расположенной между позициями 14505–15699 мтДНК КРС, что позволило

получить полную последовательность гена *Cyt B* (Цитохром b) мтДНК КРС между позициями 14514–15653.

Анализ филогенетического дерева (рис. 8), построенного методом ML (максимального правдоподобия), выявил, что все исследуемые образцы были сгруппированы с представителями гаплогрупп T1, T2, T3 и T5.

Как видно из рисунка 10, медианная сеть, построенная на основании последовательностей *Cyt B*, позволяет уверенно отнести археологические образцы к *Bos Taurus*, а не к *Bos Indicus*.

Рис. 1. Электрофореграмма продуктов амплификации градиентной ПЦР в 2%-ном агарозном геле (1-й и 2-й праймеры)

Fig. 1. Electrophoregram of gradient PCR amplification products in 2% agarose gel (1st and 2nd primers)

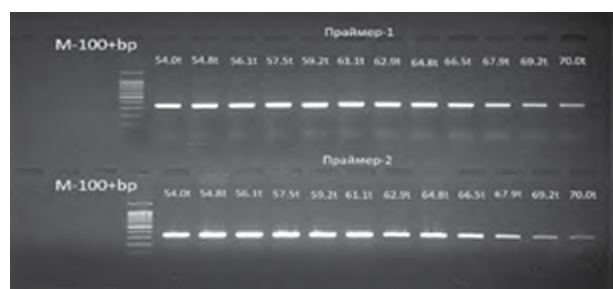


Рис. 2. Электрофореграмма продуктов амплификации градиентной ПЦР в 2%-ном агарозном геле (3-й и 4-й праймеры)

Fig. 2. Electrophoregram of gradient PCR amplification products in 2% agarose gel (3rd and 4th primers)



Рис. 3. Электрофореграмма амплифицированных фрагментов гена *Cyt B* (Цитохром b) в 2%-ном агарозном геле

Fig. 3. Electrophoregram of amplified fragments of the *Cyt B* gene (Cytochrome b) in 2% agarose gel

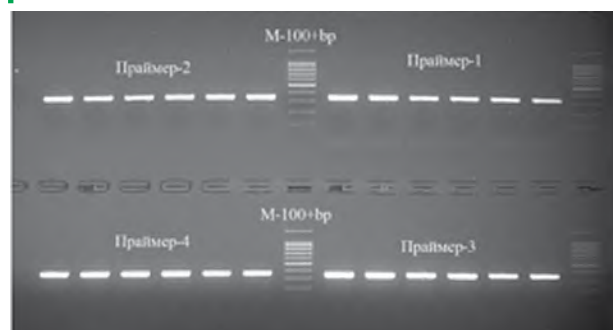


Таблица 2. Номера последовательностей известных гаплогрупп КРС

Table 2. Sequence ID of known cattle haplogroups

№ п/п	Гаплогруппы	№ NCBI
1	C	KF525852
2	I	FJ971088
3	P	MF169211
4	Q	KP637147
5	R	HQ184040
6	T1	MZ901386
7	T2	KT184460
8	T3	MZ901744
9	T4	MN200841
10	T5	MZ901530

Рис. 4. Результаты выравнивания последовательности секвенирования (начало первой пары праймеров)

Fig. 4. Sequencing sequence alignment results (the beginning of the first pair of primers)

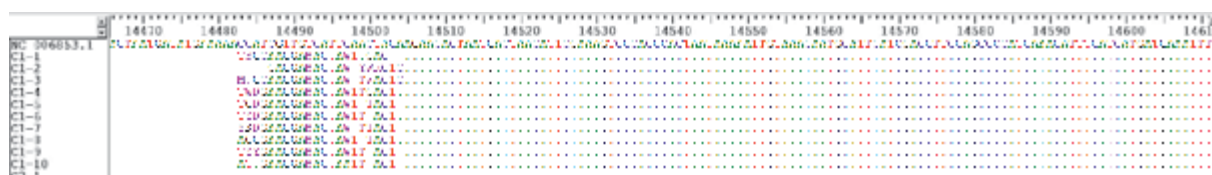


Рис. 5. Результаты выравнивания последовательности секвенирования (конец сиквенса первой пары праймеров и начало сиквенса второй пары праймеров)

Fig. 5. Sequencing sequence alignment results (the end of the sequence of the first pair of primers and the beginning of the sequence of the second pair of primers)

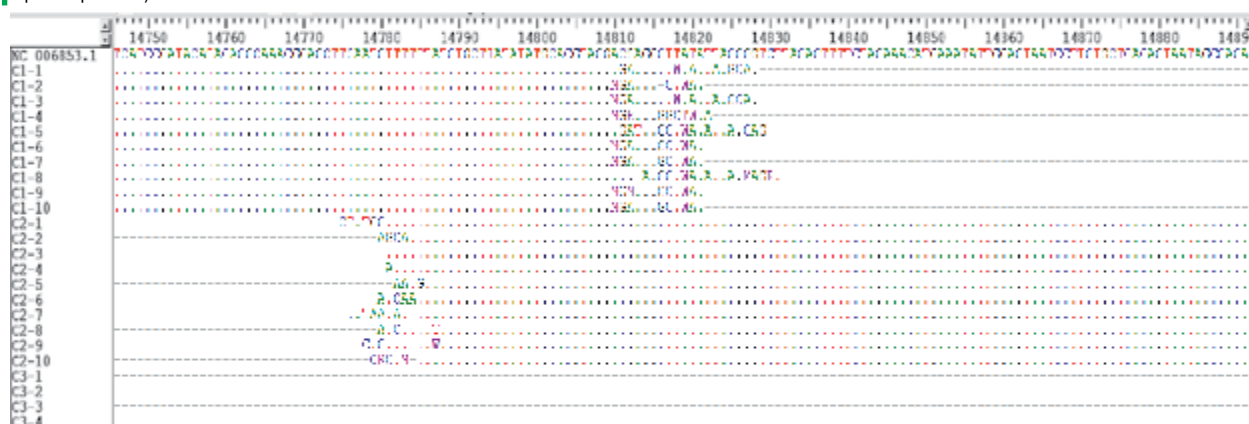


Рис. 6. Результаты выравнивания последовательности секвенирования (конец второй пары праймеров и начало третьей пары праймеров)

Fig. 6. Sequencing sequence alignment results (end of the second pair of primers and beginning of the third pair of primers)

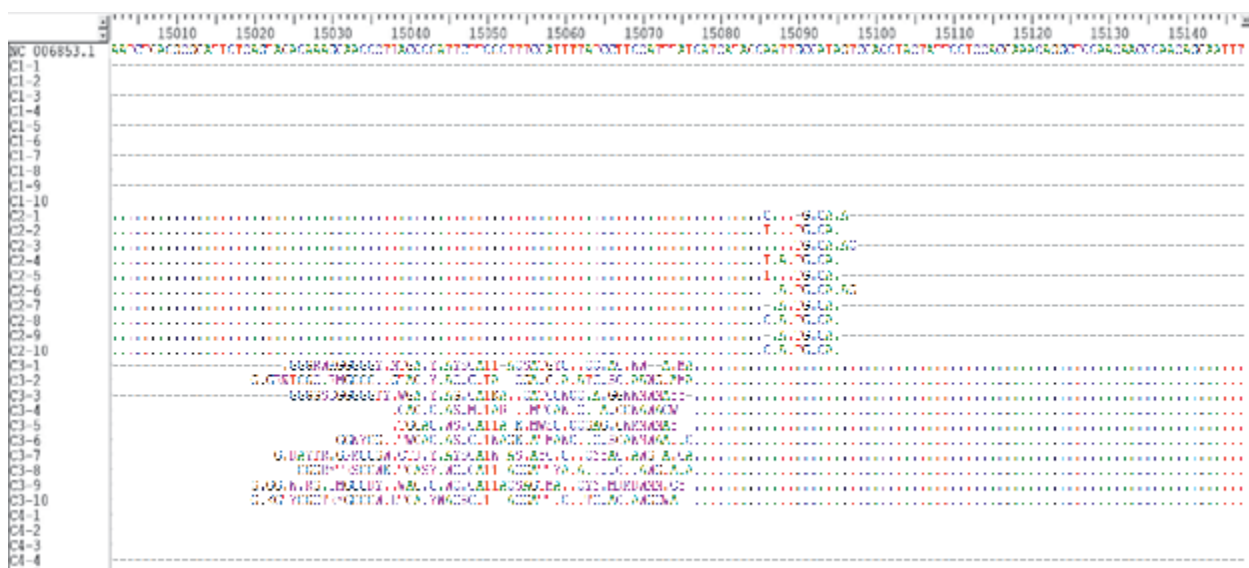


Рис. 7. Результаты выравнивания последовательности секвенирования (конец третьей пары праймеров и начало четвертой пары праймеров)

Fig. 7. Sequencing sequence alignment results (end of the third pair of primers and beginning of the fourth pair of primers)

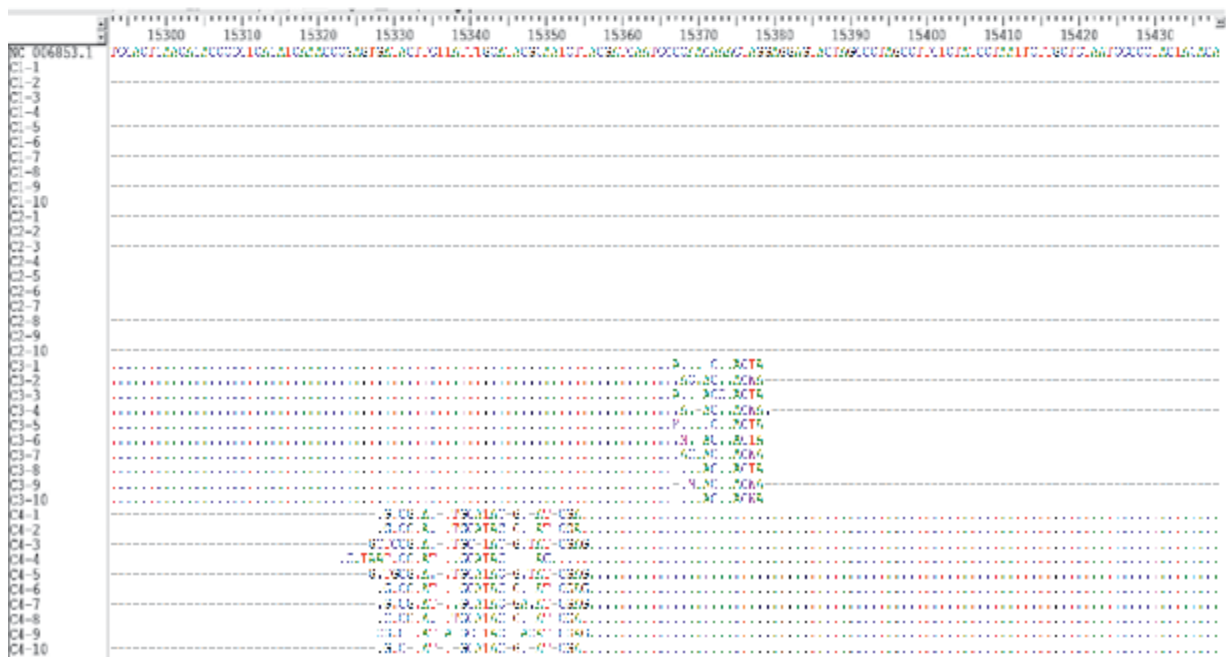
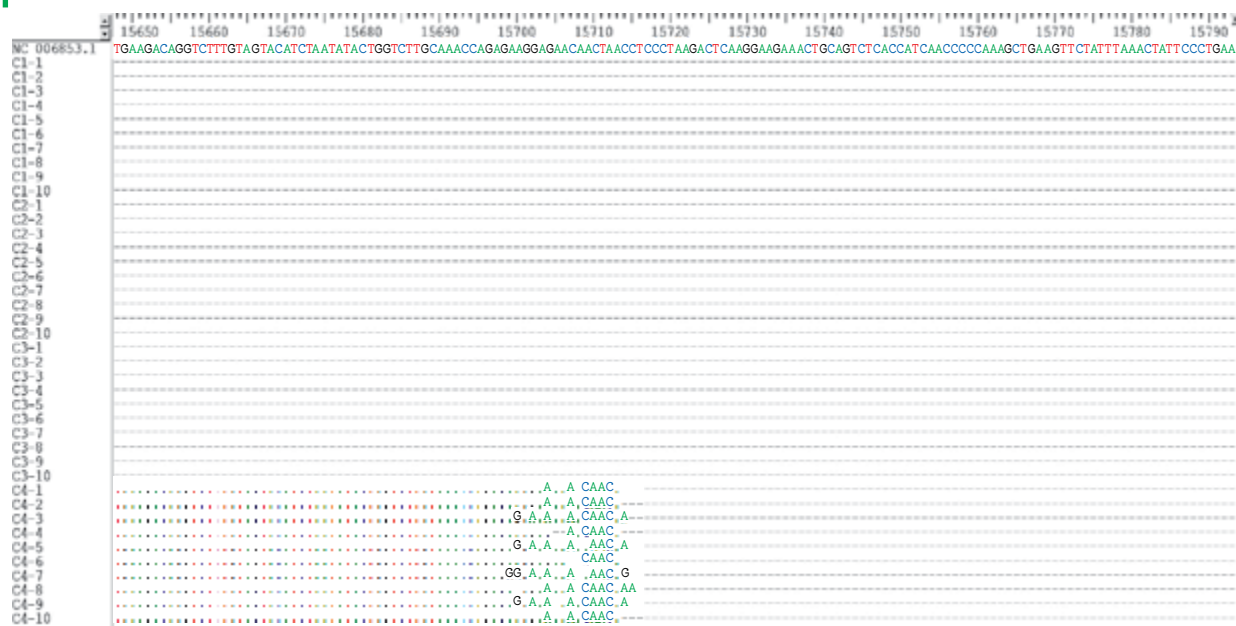
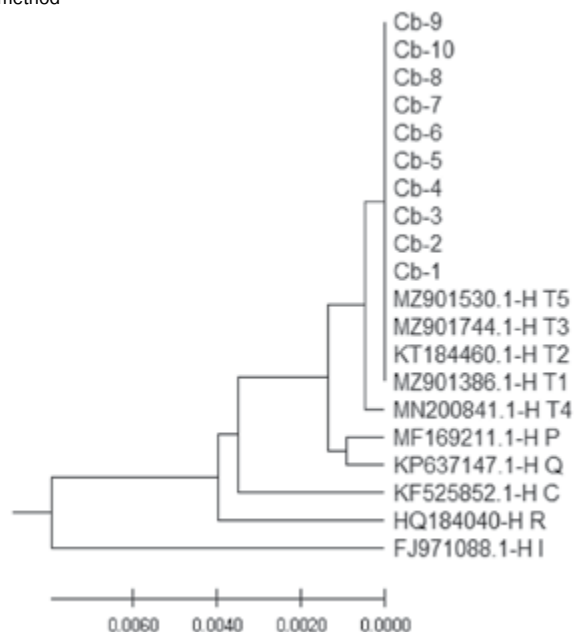
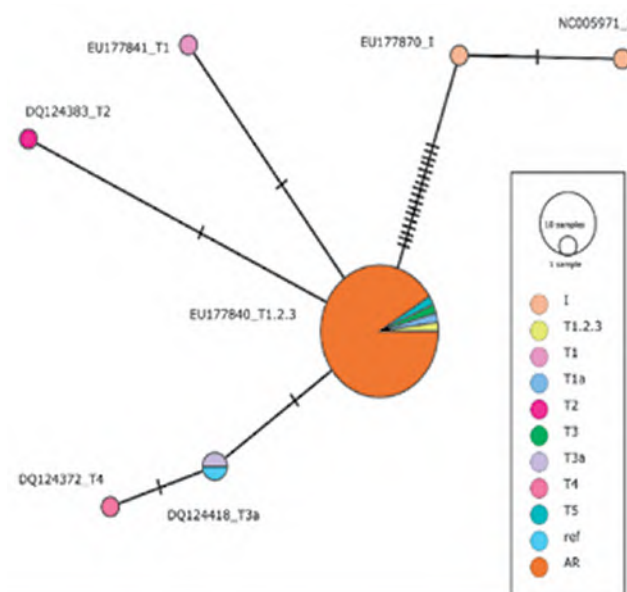


Рис. 8. Результаты выравнивания последовательности секвенирования (конец четвертой пары праймеров)**Fig. 8.** Sequencing sequence alignment results (end of the fourth pair of primers)**Рис. 9.** Филогенетическое дерево, построенное методом максимального правдоподобия**Fig. 9.** Phylogenetic tree constructed by the maximum likelihood method

Выводы/Conclusions

Разработанная авторами тест-система на основе 4 пар праймеров позволила получить из археологических образцов полные последовательности гена *Cyt B* (Цитохром Б) мтДНК крупного рогатого скота рода *Bos taurus*. Мощности анализа по последовательности *Cyt B* недостаточно, чтобы разделить гаплогруппы внутри тауринного скота, в связи с тем что последовательность

Рис. 10. Медианная сеть гаплотипов крупного рогатого скота на основании последовательности участка Cyt B**Fig. 10.** Median network of cattle haplotypes based on the sequence of the Cyt B site

цитохрома b более консервативна по сравнению с другими участками митохондриального генома. Тем не менее можно говорить, что археологические образцы не отличаются по последовательности *Cyt B* от гаплогрупп T1, T1a, T3 и T5. Для уверенной идентификации гаплогрупповой принадлежности следует использовать более полиморфные области митохондриального генома, например последовательность D-петли.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ (тема № FGGN-2024-0015).

FUNDING

The work was carried out with the financial support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (topic No. FGGN-2024-0015).

БЛАГОДАРНОСТИ

Костные крупного рогатого скота из археологических раскопок древнего Ярославля предоставлены ст. науч. сотр. канд. биол. наук Е.Е. Антипиной и ст. науч. сотр. канд. ист. наук Л.В. Яворской лаборатории естественно-научных методов Института археологии Российской академии наук (договор о сотрудничестве между ФГБУН «Институт археологии Российской академии наук» и ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста»).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Зиновьева Н.А. и др. Генетические ресурсы животных: развитие исследований аллелофонда российских пород крупного рогатого скота — мин обзор. *Сельскохозяйственная биология*. 2019; 54(4): 631–641. <https://doi.org/10.15389/agrobology.2019.4.631rus>
2. Marsoner T., Vigl L.E., Manck F., Jaritz G., Tappeiner U., Tasser E. Indigenous livestock breeds as indicators for cultural ecosystem services: A spatial analysis within the Alpine Space. *Ecological Indicators*. 2018; 94(2): 55–63. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2017.06.046>
3. Zinovieva N.A. et al. Genome-wide SNP analysis clearly distinguished the Belarusian Red cattle from other European cattle breeds. *Animal Genetics*. 2021; 52(5): 720–724. <https://doi.org/10.1111/age.13102>
4. Sharma R. et al. Microsatellite and mitochondrial DNA analyses unveil the genetic structure of native sheep breeds from three major agro-ecological regions of India. *Scientific Reports*. 2020; 10: 20422. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-77480-6>
5. Hartatik T., Hariyono D.N.H., Adinata Yu. Short Communication: Genetic diversity and phylogenetic analysis of two Indonesian local cattle breeds based on cytochrome b gene sequences. *Biodiversitas*. 2019; 20(1): 17–22. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d200103>
6. Xia X. et al. Abundant Genetic Diversity of Yunling Cattle Based on Mitochondrial Genome. *Animals*. 2019; 9(9): 641. <https://doi.org/10.3390/ani9090641>
7. Abdelmanova A.S. et al. Comparative Study of the Genetic Diversity of Local Steppe Cattle Breeds from Russia, Kazakhstan and Kyrgyzstan by Microsatellite Analysis of Museum and Modern Samples. *Diversity*. 2021; 13(8): 351. <https://doi.org/10.3390/d13080351>
8. Боронетская О.И., Чикурова Е.А., Никифоров А.И. Возникновение, особенности породообразования и практика сохранения белого паркового скота. *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2017; (6): 68–84. <https://doi.org/10.26897/0021-342X-2017-6-68-84>
9. Bro-Jørgensen M.H. et al. Ancient DNA analysis of Scandinavian medieval drinking horns and the horn of the last aurochs bull. *Journal of Archaeological Science*. 2018; 99: 47–54. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2018.09.001>
10. Delsol N., Stucky B.J., Oswald J.A., Cobb C.R., Emery K.F. Guralnick R. Ancient DNA confirms diverse origins of early post-Columbian cattle in the Americas. *Scientific Reports*. 2023; 13: 12444. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-39518-3>
11. Robin E.D., Wong R. Mitochondrial DNA molecules and virtual number of mitochondria per cell in mammalian cells. *Journal of Cellular Physiology*. 1988; 136(3): 507–513. <https://doi.org/10.1002/jcp.1041360316>
12. Zhang X., Yang L., Zhao X., Xiang H. The complete mitochondrial genome of an ancient cattle (*Bos taurus*) from Taosi site, China, and its phylogenetic assessment. *Mitochondrial DNA Part B*. 2022; 7(5): 804–806. <https://doi.org/10.1080/23802359.2022.2073834>
13. Luikart G., Gielly L., Excoffier L., Vigne J.-D., Bouvet J., Taberlet P. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2001; 98(10): 5927–5932. <https://doi.org/10.1073/pnas.091591198>
14. Dong Z., Wang Y., Li C., Li L., Men X. Mitochondrial DNA as a Molecular Marker in Insect Ecology: Current Status and Future Prospects. *Annals of the Entomological Society of America*. 2021; 114(4): 470–476. <https://doi.org/10.1093/aesa/saab020>
15. Shi L. et al. Effect of locomotor preference on the evolution of mitochondrial genes in Bovidae. *Scientific Reports*. 2024; 14: 12944. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-63937-5>
16. Prihandini P.W., Primasari A., Luthfi M., Efendy J., Pamungkas D. Genetic Diversity of Mitochondrial DNA Cytochrome b in Indonesian Native and Local Cattle Populations. *Jurnal Ilmu Ternak dan Veteriner*. 2020; 25(2): 39–47.
17. Tarekegn G.M. et al. Variations in mitochondrial cytochrome b region among Ethiopian indigenous cattle populations assert *Bos taurus* maternal origin and historical dynamics. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2018; 31(9): 1393–1400. <https://doi.org/10.5713/ajas.17.0596>
18. Rahmatullaili S., Fatmawati D., Nisa C., Winaya A., Chamisijatin L., Hindun I. Genetic Diversity of Bali Cattle: Cytochrome b Sequence Variation. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 2019; 276: 012048. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/276/1/012048>
19. Kocher T.D. et al. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in mammals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1989; 86(16): 6196–6200. <https://doi.org/10.1073/pnas.86.16.6196>
20. Irwin D.M., Kocher T.D., Wilson A.C. Evolution of the cytochrome b gene of mammals. *Journal of Molecular Evolution*. 1991; 32(2): 128–144. <https://doi.org/10.1007/BF02515385>
21. Zhang Y. et al. Strong and stable geographic differentiation of swamp buffalo maternal and paternal lineages indicates domestication in the China/Indochina border region. *Molecular Ecology*. 2016; 25(7): 1530–1550. <https://doi.org/10.1111/mec.13518>
22. Mkiye L.S., Zishiri O.T. Population genetic structure and maternal lineage of South African crossbred Nguni cattle using the cytochrome b gene in mtDNA. *Tropical Animal Health and Production*. 2020; 52(4): 2079–2089. <https://doi.org/10.1007/s11250-020-02231-8>
23. Çiftçi Y., Eroğlu O., Firdin S. Mitochondrial Cytochrome b Sequence Variation in Three Sturgeon Species (*A. stellatus Pallas*, 1771, *A. gueldenstaedtii Brandt*, 1833, *H. huso Linnaeus*, 1758) from the Black Sea Coasts of Turkey. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 2013; 13(2): 291–303.

FUNDING

Bovine bones from the archaeological excavations of ancient Yaroslavl were provided by Senior Research Associate Candidate of Biological Sciences E.E. Antipina and Senior Researcher Candidate of Historical Sciences L.V. Yavorskaya Laboratory of Natural Scientific Methods of the Institute of Archaeology of the Russian Academy of Sciences (cooperation agreement between the Federal State Budgetary Scientific Institution "Institute of Archaeology of the Russian Academy of Sciences" and the Federal State Budgetary Scientific Institution "Federal Research Center of Animal Husbandry — VISH im. academician L.K. Ernst").

REFERENCES

1. Zinovieva N.A. et al. Animal genetic resources: developing the research of allele pool of Russian cattle breeds — minireview. *Agricultural Biology*. 2019; 54(4): 631–641. <https://doi.org/10.15389/agrobology.2019.4.631eng>
2. Marsoner T., Vigl L.E., Manck F., Jaritz G., Tappeiner U., Tasser E. Indigenous livestock breeds as indicators for cultural ecosystem services: A spatial analysis within the Alpine Space. *Ecological Indicators*. 2018; 94(2): 55–63. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2017.06.046>
3. Zinovieva N.A. et al. Genome-wide SNP analysis clearly distinguished the Belarusian Red cattle from other European cattle breeds. *Animal Genetics*. 2021; 52(5): 720–724. <https://doi.org/10.1111/age.13102>
4. Sharma R. et al. Microsatellite and mitochondrial DNA analyses unveil the genetic structure of native sheep breeds from three major agro-ecological regions of India. *Scientific Reports*. 2020; 10: 20422. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-77480-6>
5. Hartatik T., Hariyono D.N.H., Adinata Yu. Short Communication: Genetic diversity and phylogenetic analysis of two Indonesian local cattle breeds based on cytochrome b gene sequences. *Biodiversitas*. 2019; 20(1): 17–22. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d200103>
6. Xia X. et al. Abundant Genetic Diversity of Yunling Cattle Based on Mitochondrial Genome. *Animals*. 2019; 9(9): 641. <https://doi.org/10.3390/ani9090641>
7. Abdelmanova A.S. et al. Comparative Study of the Genetic Diversity of Local Steppe Cattle Breeds from Russia, Kazakhstan and Kyrgyzstan by Microsatellite Analysis of Museum and Modern Samples. *Diversity*. 2021; 13(8): 351. <https://doi.org/10.3390/d13080351>
8. Boronetskaya O.I., Chikurova E.A., Nikiforov A.I. Strain breeding features and conservation practice of White park cattle breeds. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2017; (6): 68–84 (in Russian). <https://doi.org/10.26897/0021-342X-2017-6-68-84>
9. Bro-Jørgensen M.H. et al. Ancient DNA analysis of Scandinavian medieval drinking horns and the horn of the last aurochs bull. *Journal of Archaeological Science*. 2018; 99: 47–54. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2018.09.001>
10. Delsol N., Stucky B.J., Oswald J.A., Cobb C.R., Emery K.F. Guralnick R. Ancient DNA confirms diverse origins of early post-Columbian cattle in the Americas. *Scientific Reports*. 2023; 13: 12444. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-39518-3>
11. Robin E.D., Wong R. Mitochondrial DNA molecules and virtual number of mitochondria per cell in mammalian cells. *Journal of Cellular Physiology*. 1988; 136(3): 507–513. <https://doi.org/10.1002/jcp.1041360316>
12. Zhang X., Yang L., Zhao X., Xiang H. The complete mitochondrial genome of an ancient cattle (*Bos taurus*) from Taosi site, China, and its phylogenetic assessment. *Mitochondrial DNA Part B*. 2022; 7(5): 804–806. <https://doi.org/10.1080/23802359.2022.2073834>
13. Luikart G., Gielly L., Excoffier L., Vigne J.-D., Bouvet J., Taberlet P. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2001; 98(10): 5927–5932. <https://doi.org/10.1073/pnas.091591198>
14. Dong Z., Wang Y., Li C., Li L., Men X. Mitochondrial DNA as a Molecular Marker in Insect Ecology: Current Status and Future Prospects. *Annals of the Entomological Society of America*. 2021; 114(4): 470–476. <https://doi.org/10.1093/aesa/saab020>
15. Shi L. et al. Effect of locomotor preference on the evolution of mitochondrial genes in Bovidae. *Scientific Reports*. 2024; 14: 12944. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-63937-5>
16. Prihandini P.W., Primasari A., Luthfi M., Efendy J., Pamungkas D. Genetic Diversity of Mitochondrial DNA Cytochrome b in Indonesian Native and Local Cattle Populations. *Jurnal Ilmu Ternak dan Veteriner*. 2020; 25(2): 39–47.
17. Tarekegn G.M. et al. Variations in mitochondrial cytochrome b region among Ethiopian indigenous cattle populations assert *Bos taurus* maternal origin and historical dynamics. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2018; 31(9): 1393–1400. <https://doi.org/10.5713/ajas.17.0596>
18. Rahmatullaili S., Fatmawati D., Nisa C., Winaya A., Chamisijatin L., Hindun I. Genetic Diversity of Bali Cattle: Cytochrome b Sequence Variation. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 2019; 276: 012048. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/276/1/012048>
19. Kocher T.D. et al. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in mammals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1989; 86(16): 6196–6200. <https://doi.org/10.1073/pnas.86.16.6196>
20. Irwin D.M., Kocher T.D., Wilson A.C. Evolution of the cytochrome b gene of mammals. *Journal of Molecular Evolution*. 1991; 32(2): 128–144. <https://doi.org/10.1007/BF02515385>
21. Zhang Y. et al. Strong and stable geographic differentiation of swamp buffalo maternal and paternal lineages indicates domestication in the China/Indochina border region. *Molecular Ecology*. 2016; 25(7): 1530–1550. <https://doi.org/10.1111/mec.13518>
22. Mkiye L.S., Zishiri O.T. Population genetic structure and maternal lineage of South African crossbred Nguni cattle using the cytochrome b gene in mtDNA. *Tropical Animal Health and Production*. 2020; 52(4): 2079–2089. <https://doi.org/10.1007/s11250-020-02231-8>
23. Çiftçi Y., Eroğlu O., Firdin S. Mitochondrial Cytochrome b Sequence Variation in Three Sturgeon Species (*A. stellatus Pallas*, 1771, *A. gueldenstaedtii Brandt*, 1833, *H. huso Linnaeus*, 1758) from the Black Sea Coasts of Turkey. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 2013; 13(2): 291–303.

ОБ АВТОРАХ

Маргарет Сержевна Форнара

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник
margaretfornara@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-8844-177X>

Александра Сергеевна Абдельманова

доктор биологических наук, старший научный сотрудник
abdelmanova@vij.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>

Некруз Фарходович Бакоев

кандидат сельскохозяйственных наук, научный сотрудник
nekruz82@bk.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0324-3580>

Наталья Анатольевна Зиновьева

доктор биологических наук, академик РАН, директор
n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

Федеральный исследовательский центр животноводства —
ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста,
пос. Дубровицы, 60, Подольский р-н, Московская обл., 142132,
Россия

ABOUT THE AUTHORS

Margaret Serzhevna Fornara

Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher
margaretfornara@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-8844-177X>

Alexandra Sergeevna Abdelmanova

Doctor of Biological Sciences, Senior Researcher
abdelmanova@vij.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>

Nekruz Farkhodovich Bakoev

Candidate of Agricultural Sciences, Research Associate
nekruz82@bk.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0324-3580>

Natalia Anatolyevna Zinovieva

Doctor of Biological Sciences, Academician of the Russian Academy
of Sciences, Director
n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry,
60 Dubrovitsy, Podolsk district, Moscow region, 142132, Russia

АГРАРНАЯ
НАУКАAGRARIAN
SCIENCE

Ежемесячный научно-теоретический и производственный журнал выходит один раз в месяц.



Научно-теоретический и производственный журнал «Аграрная наука» включен в Перечень ведущих рецензируемых научных изданий, в которых должны быть опубликованы основные научные результаты диссертаций на соискание ученых степеней доктора и кандидата наук (K1, K2), в список Russian Science Citation Index (RSCI), в систему Российского индекса научного цитирования (РИНЦ), в ядро РИНЦ, Белый список ВАК РФ, в список периодических изданий Международной базы данных AGRIS (ГНУ ЦНСХБ Россельхозакадемии).

Ознакомиться с информацией о перечне специальностей ВАК и итоговом распределении журналов по категориям можно здесь:



Приравнивание научных журналов, входящих в наукометрические базы данных, к журналам Перечня ВАК с распределением по категориям:



Согласно приведенным данным, журнал «Аграрная наука» относится к категории K1.

Подобную информацию о журнале можно получить у научного редактора М.Н. Долгой
+7 (495) 777 67 67 (доб. 1453)
dolgaya@vicgroup.ru

Реклама