

УДК 636.2:577.212.3

Краткое сообщение



Открытый доступ

DOI: 10.32634/0869-8155-2024-389-12-113-116

Т.А. Эркенов¹ ✉Г.Ю. Косовский²¹Северо-Кавказская государственная академия, Черкесск, Россия²Научно-исследовательский институт пушного звероводства и кролиководства им. В.А. Афанасьева, пос. Родники, Московская обл., Россия

✉ erkenov_timur@yahoo.com

Поступила в редакцию: 28.07.2024

Одобрена после рецензирования: 12.11.2024

Принята к публикации: 26.11.2024

© Эркенов Т.А., Косовский Г.Ю.

Short communications



Open access

DOI: 10.32634/0869-8155-2024-389-12-113-116

Timur A. Erkenov¹ ✉Gleb Yu. Kosovsky²¹North Caucasus State Academy, Cherkessk, Russia²Scientific Research Institute of Fur Farming and Rabbit Breeding named after V.A. Afanasyev, Rodniki, Moscow Region, Russia

✉ erkenov_timur@yahoo.com

Received by the editorial office: 28.07.2024

Accepted in revised: 12.11.2024

Accepted for publication: 26.11.2024

© Erkenov T.A., Kosovsky G.Yu.

Подбор полиморфных ДНК-маркеров на основе ретротранспозонов для контроля генетических структур карачаевской лошади

РЕЗЮМЕ

Сокращение биоразнообразия, стремительное исчезновение автохтонных пород животных сельскохозяйственных видов представляет реальную угрозу развития сельского хозяйства в глобальном масштабе. Особое значение это приобретает в связи с изменениями климата, увеличением антропогенного давления, накопления генотоксичных отходов жизнедеятельности человека. Необходимость исследований генетических ресурсов автохтонных пород, как правило, воспроизводимых в зонах рискованного животноводства, обусловлена не только задачами их сохранения, но и изучения механизма молекулярно-генетических основ адаптации к неблагоприятным факторам окружающей среды (в частности, у млекопитающих).

Цель работы — подбор ДНК-маркеров, характеризующихся высоким полиморфизмом и достаточно легкодоступным для полилокусного генотипирования у карачаевской породы лошадей, отличающейся высокой адаптацией к горной гипоксии.

В качестве ДНК-маркеров оценивался полиморфизм фрагментов геномной ДНК лошадей, фланкированных инвертированными участками длинных концевых повторов четырех эндогенных ретровирусов: SIRE-1, PawS5, BERV k-1 и BERV β-3. В результате исследований получены данные, что наиболее полиморфными участками геномной ДНК карачаевской лошади являются короткие фрагменты, фланкированные инвертированными повторами SIRE-1 и BERV β-3, что может быть использовано для выявления внутривидового разнообразия генетической структуры карачаевской лошади.

Ключевые слова: ДНК-маркеры, транспозоны, эндогенные ретровирусы, генотипирование, полиморфизм, карачаевская лошадь

Для цитирования: Эркенов Т.А., Косовский Г.Ю. Подбор полиморфных ДНК-маркеров на основе ретротранспозонов для контроля генетических структур карачаевской лошади. *Аграрная наука*. 2024; 389(12): 113–116.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-389-12-113-116>

Selection of polymorphic DNA-markers based on retrotransposons for the control of genetic structures of the Karachai horse

ABSTRACT

The biodiversity reduction and the rapid disappearance of autochthonous farm animal breeds pose a real threat to the development of agriculture on a global scale. This is of particular importance in connection with climate change, an increase of anthropogenic pressure, and the accumulation of genotoxic human waste. The need to study the genetic resources of autochthonous breeds, as a rule, reproduced in areas of risky animal husbandry, is due not only to the tasks of their conservation, but also to study the mechanism of molecular genetic bases of adaptation to adverse environmental factors (in particular, in mammals).

The aim of the work is to select DNA markers characterized by high polymorphism and easily accessible enough for polylocus genotyping in the Karachai horse breed, characterized by high adaptation to mountain hypoxia.

Polymorphism of fragments of horse genomic DNA flanked by inverted sections of long terminal repeats of four endogenous retroviruses: SIRE-1, PawS5, BERV k-1 and BERV β-3 was evaluated as DNA markers. As a result of the research, data were obtained that the most polymorphic sections of the genomic DNA of the Karachai horse are short fragments flanked by inverted repeats of SIRE-1 and BERV β-3, which can be used to identify the intrabreed diversity of the genetic structure of the Karachai horse.

Key words: DNA-markers, transposons, endogenous retroviruses, genotyping, polymorphism, Karachai horse

For citation: Erkenov T.A., Kosovsky G.Yu. Selection of polymorphic DNA-markers based on retrotransposons for the control of genetic structures of the Karachai horse. *Agrarian science*. 2024; 389(12): 113–116 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-389-12-113-116>

Введение/Introduction

Сокращение биоразнообразия, исчезновение пород животных, уносящих с собой уникальные генетические варианты, — широко обсуждаемая проблема. Особый интерес представляют породы, веками воспроизводившиеся в регионах рискованного животноводства, поскольку в связи с этим обладают высокой способностью к адаптации к неблагоприятным для вида условиям.

В условиях изменения климата, роста антропогенной нагрузки повышается значимость исследований генетической структуры таких пород. К ним относится и карачаевская лошадь¹, известная своей адаптацией к высокогорной гипоксии. Это особенно интересно в связи с тем, что обнаруживается определенное сходство между высокогорными лошадьми и адаптированными к высокогорной гипоксии этносов и других видов [1, 2].

Одной из проблем использования ДНК-маркеров для контроля породной и внутривидовой динамики генетической структуры (в частности, автохтонных пород лошадей) является определенная сложность современных методов генотипирования животных в условиях, недостаточно специализированных для решения таких задач [3]. В связи с этим необходим подбор ДНК-маркеров, отличающихся высоким полиморфизмом и относительной простотой выявления.

По рекомендации International Society of Animal Genetics (ISAG) для генетической паспортизации лошадей используется панель из 17 локусов микросателлитов [4], но, к сожалению, большинство из них представлены диаллельными тандемными повторами, что существенно усложняет процесс генотипирования. Кроме того, в результате такого генотипирования оценивается полиморфизм только в лучшем случае по 17 локусам, причем в геноме домашней лошади суммарно все микросателлиты занимают менее 2% всех нуклеотидных последовательностей, в то время как основная часть генома (более 40%) представлена ретротранспозонами². Для того чтобы увеличить количество генотируемых локусов, удобнее использовать фрагменты ДНК, фланкированные инвертированными повторами микросателлитов. Преимущество заключаются в том, что в качестве праймера в полимеразной цепной реакции можно использовать только один праймер, получая удобные для анализа с разными праймерами (участками микросателлитов) несколько десятков фрагментов ДНК (локусов) длинами от 100 пар оснований (п. о.) до, как правило, 3000 п. о. (Inter-Simple Sequences Repeats — ISSR-маркеры) [5].

К настоящему времени накоплены данные, свидетельствующие о том, что такой показатель, как уровень гетерозиготности по микросателлитным локусам у достаточно удаленных видов, оказался сравнительно близким по сравнению с результатами полилокусного генотипирования животных с применением в качестве праймеров фрагментов длинных концевых повторов ретротранспозонов [6]. Использование фрагмента длинного концевого повтора ретротранспозона (Inter Retrotransposon Amplified Polymorphism — IRAP-маркеры) в качестве одного праймера в полимеразной цепной реакции похоже на работу с микросателлитами, но оказалось, что их полиморфизм существенно варьирует от одного ретротранспозона к другому у разных видов [6].

Цель работы — подбор наиболее эффективных IRAP-маркеров с использованием фрагментов длинных концевых повторов (LTR) четырех разных ретротранспозонов для полилокусного генотипирования представителей карачаевской лошади.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

В анализ работы, проведенной в 2024 году, включены мультилокусные спектры IRAP-маркеров у лошадей карачаевской породы ООО «Аргомак» (Малокарачаевский р-н, Карачаево-Черкесия) — 30 кобыл и 2 жеребца.

Геномную ДНК выделяли из клеток периферической крови лошадей с помощью коммерческого набора реагентов «ДНК-Экстран-1» («Синтол», Россия). IRAP-ПЦР проводили по модифицированной методике Э. Зеткевич и соавт. [7]. В качестве праймеров использовали олигонуклеотидные последовательности («Синтол», Россия), гомологичные длинным терминальным повторам (Long terminal repeat — LTR) эндогенных ретровирусов: LTR SIRE-1 (soybean interspersed repetitive element 1 [8, 9] праймер 5-GCAGTTATGCAAGTGGGATGAGCA3; PawS5 семейства R173 [10], праймер 5-AACGAGGGGTTCGAGGCC3; эндогенных ретровирусов BERV K-1, участвовавший в формировании плаценты у млекопитающих (baboon placental ERV) [11, 12], и BERV β-3 (bovine endogenous retrovirus beta 3) [13], входящий в семейство эндогенных ретровирусов, экспрессирующихся в разных органах (в частности, у крупного рогатого скота) [14], праймеры 5-TATCAGGCCCTCTCCGCATG3' и 5-GGACCTTCTCTCAAGGC3' соответственно.

ПЦР проводили в общем объеме 20 мкл с использованием коммерческого набора реагентов для ОТ-ПЦР («Синтол», Россия). Условия амплификации: начальная денатурация (t = 94 °C, 2 мин.); денатурация (t = 94 °C, 30 сек.), отжиг (t = 55 °C, 30 сек.), элонгация (t = 72 °C, 2 мин.) — 30 циклов; финальная элонгация (t = 72 °C, 10 мин.).

ПЦР проводили на амплификаторе «Терцик» («ДНК-Технология», Россия). Продукты амплификации разделяли в горизонтальных 1,5%-ных агарозных гелях. Гели окрашивали бромистым этидием. Размеры фрагментов ДНК определяли с помощью маркера молекулярной массы 100 п. о. + 1,5 т. п. о. + 3 т. п. о. (12 фрагментов от 100 до 3000 п. о.) M27 («СибЭнзим», Россия). Каждый фрагмент в полученных спектрах ДНК рассматривали как отдельный локус.

Используя алгоритмы программы BLASTn, выполнен поиск в референсном геноме домашней лошади, представленном в GenBank, областей, гомологичных фрагментам ДНК, которые применялись в ПЦР в качестве праймеров³. Для оценки наличия гомологии между выбранными праймерами и микроРНК использовалась база данных микроРНК⁴.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

В результате исследований получены следующие данные. Суммарно по спектрам продуктов амплификации (ампликонам) в полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием в качестве праймеров фрагментов LTR (Long terminal repeat) эндогенных ретровирусов надежно и воспроизводимо выявлены 54 локуса:

¹ Витт В. О. Морфологические показатели конституционных типов и система классификации конских пород. М.: Государственное издательство колхозной и совхозной литературы. 1934; 62–67.

² <https://repeatmasker.org/species/equCab.html>

³ Печур http://www.ncbi.nlm.nih.gov, GCA_002863925.1

⁴ <http://www.mirbase.org/>

в спектре праймера LTR SIRE-1 — 10 локусов, PawS 5 — 19 локусов, BERV k-1 — 14 локусов, BERV β -3 — 11 локусов.

Значения полиморфного информационного содержания (PIC) в спектрах ампликонов распределялись следующим образом: LTR SIRE-1 — PIC — 0,145, доля полиморфных локусов (P) — 33%; PawS 5 — PIC — 0,048, P — 11%; BERV k-1 — PIC — 0,057, P — 21%; BERV β -3 — 0,138, P — 36%. Из представленных данных следует, что наиболее полиморфные спектры выявляются при использовании в качестве праймеров в ПЦР последовательностей LTR SIRE-1 и BERV β -3.

Спектры ампликонов исследуемых животных были разделены на три группы в зависимости от их длины, рассчитанной на основе маркера молекулярной массы: «легкие» (от 100 до 900 пар оснований [п. о.]), «средние» (от 900 до 1900 п. о.) и «тяжелые» (от 1900 до 3000 п. о.) Предполагается, что эти группы представляют собой относительно близкое и наиболее плотное (легкие фрагменты, расстояние от 100 до 900 п. о.) расположение участков, гомологичных локализации фрагментов LTR эндогенных ретровирусов в альтернативных цепях ДНК, в то время как удаленное расположение таких последовательностей приводит к образованию тяжелых фрагментов (от 1900 до максимальной длины около 3000 п. о., амплифицируемых в используемых условиях ПЦР), и группы фрагментов ДНК среднего размера с промежуточными значениями длин.

Полученные данные свидетельствуют о выраженных отличиях спектров ампликонов, выявляемых при применении участков LTR различных типов эндогенных ретровирусов в качестве праймеров в ПЦР. Так, основной вклад (в почти половину спектра) в спектры праймеров PawS 5, BERV k-1, BERV β -3 вносили легкие фрагменты ДНК, при которых участки гомологии к ним расположены на наиболее близких расстояниях.

Для последовательности праймера SIRE-1 идентифицированы 196 фрагментов, праймера PawS5 — 155, праймера BERV k-1 — 200, праймера BERV β -3 — 200 фрагментов. В общем, наибольшее количество участков гомологии к LTR исследованных эндогенных ретровирусов выявлено при использовании в качестве праймера последовательностей, типичных для плацентарных,

BERV k-1 и BERV β -3 по сравнению с впервые выявленными у растений.

Выполнен поиск гомологии последовательностей, которые использовались в качестве праймеров, в базе данных микроРНК⁵ [15]. Обнаружено, что SIRE1 имеет высокую степень гомологии (> 60%) с bdi-MIR7752 злаковых трав [16], stu-MIR8003 картофеля [17], miR-2431 *Bos taurus* [18] и gsa-mir-1993 плоских червей [19]. Последовательность PawS5 имела гомологию с hsa-mir-1304, которая экспрессируется в эмбриогенезе у людей [20], последовательность BERV β -3 имела гомологию с hsa-miR-5682, экспрессия которого связана с метастазирующим раком простаты [21]. Только для последовательности BERV k-1 до сих пор не выявлено областей гомологии в базе данных микроРНК.

Поскольку известно, что эндогенные ретровирусы и их LTR являются источником элементов регуляторных сетей, контролирующих программы генной экспрессии у эукариот [22], можно ожидать, что именно это может быть причиной множественных включений исследованных последовательностей в геном карачаевской лошади. Низкий уровень полиморфизма спектров праймера BERV-1k может быть обусловлен относительно высоким давлением очищающего отбора, несмотря на предполагаемую «молодость» его происхождения, по сравнению с LTR эндогенного вируса BERV β -3 [23].

Выводы/Conclusions

Полученные данные свидетельствуют о достаточно высоком полиморфизме 54 локусов геномной ДНК карачаевской лошади, выявляемом при использовании последовательностей длинных концевых повторов эндогенных ретровирусов в ПЦР в качестве праймеров. По-видимому, наблюдаемый полиморфизм может быть обусловлен «древностью» вставок в геном исходных экзогенных ретровирусных последовательностей, а также вовлеченностью их в формирование сетей регуляторов генной экспрессии (в частности, микроРНК).

Судя по полученным данным, для полилокусного генотипирования карачаевской лошади можно использовать в качестве праймеров последовательности SIRE-1 и BERV β -3, позволяющие получать наиболее полиморфные спектры.

⁵ <http://www.mirbase.org/>

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.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (тема № 10230830000004-7-4.1.1 «Генетические ресурсы карачаевской породы лошадей и карачаевской породы овец в разных эколого-географических зонах»).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Hendrickson S.L. A genome wide study of genetic adaptation to high altitude in feral Andean Horses of the páramo. *BMC Evol Biol.* 2013; 17: 13: 273. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-13-273>.
- Lee F.S. Hypoxia Inducible Factor pathway proteins in high-altitude mammals. *Trends Biochem Sci.* 2024; 49(1): 79–92. <https://doi.org/10.1016/j.tibs.2023.11.002>
- Гарафутдинов Р.Р. и др. Полиморфизм ДНК лошади *Equus caballus* и методы его выявления. *Биомика.* 2020; 12(2): 272–299.
- Dimoski P. Development of a 17-plex microsatellite polymerase chain reaction kit for genotyping horses *Croat. Med. J.* 2003; 44(3): 332–335.
- Horton C.A. et al. Short tandem repeats bind transcription factors to tune eukaryotic gene expression. *Science.* 2023; 381(6664): eadd1250. <https://doi.org/10.1126/science.add1250>

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.

FUNDING

The research was carried out within the state assignment of Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (theme No. 10230830000004-7-4.1.1 "Genetic resources of the Karachai breed of horses and the Karachai breed of sheep in different ecological and geographical zones").

REFERENCES

- Hendrickson S.L. A genome wide study of genetic adaptation to high altitude in feral Andean Horses of the páramo. *BMC Evol Biol.* 2013; 17: 13: 273. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-13-273>
- Lee F.S. Hypoxia Inducible Factor pathway proteins in high-altitude mammals. *Trends Biochem Sci.* 2024; 49(1): 79–92. <https://doi.org/10.1016/j.tibs.2023.11.002>
- Garafutdinov R.R. et al. DNA polymorphism of the horse *Equus caballus* and methods for its detection. *Biomika.* 2020; 12(2): 272–299 (in Russian).
- Dimoski P. Development of a 17-plex microsatellite polymerase chain reaction kit for genotyping horses *Croat. Med. J.* 2003; 44(3): 332–335.
- Horton C.A. et al. Short tandem repeats bind transcription factors to tune eukaryotic gene expression. *Science.* 2023; 381(6664): eadd1250. <https://doi.org/10.1126/science.add1250>

6. Попов Д.В., Косовский Г.Ю., Глазко В.И., Глазко Т.Т. Контроль гетерозиготности с применением ДНК-маркеров у сельскохозяйственных видов животных. *Кролиководство и звероводство*. 2022; 3: 44–51. https://doi.org/10.52178/00234885_2022_3_44
7. Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*. 1994; 20(2): 176–183. <https://doi.org/10.1006/geno.1994.1151>
8. Laten H.M., Morris R.O. SIRE-1, a long interspersed repetitive DNA element from soybean with weak sequence similarity to retrotransposons: initial characterization and partial sequence. *Gene*. 1993; 8: 134(2): 153–159. [https://doi.org/10.1016/0378-1119\(93\)90089-1](https://doi.org/10.1016/0378-1119(93)90089-1)
9. Laten H.M., Havecker E.R., Farmer L.M., Voytas D.F. 'SIRE1, an Endogenous Retrovirus Family from Glycine max, Is Highly Homogeneous and Evolutionarily Young *Mol. Biol. Evol.* 2003; 20(8): 1222–1230. <https://doi.org/10.1093/molbev/msg142>
10. Lee J.H., Graybosch R.A., Kaeppler S.M., Sears R.G. A PCR assay for detection of a 2RL.2BS wheat-rye chromosome translocation. *Genome*. 1996; 39(3): 605–608. <https://doi.org/10.1139/g96-076>
11. Galli J., Almiñana C., Wiesendanger M., Schuler G., Kowalewski M.P., Klisch K. Bovine placental extracellular vesicles carry the fusogenic syncytin BERV-K1. *Theriogenology*. 2024; 15: 223: 59–69. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2024.04.012>
12. Baba K. *et al.* Identification of novel endogenous beta retroviruses which are transcribed in the bovine placenta. *J Virol*. 2011; 85(3): 1237–1245. <https://doi.org/10.1128/JVI.01234-10>
13. Xiao R., Kim J., Choi H., Park K., Lee H., Park C. Characterization of the bovine endogenous retrovirus beta-3 genome. *Mol Cells*. 2008; 29: 25(1): 142–147.
14. Sakurai T., Kusama K., Imakawa K. Progressive Exaptation of Endogenous Retroviruses in Placental Evolution in Cattle. *Biomolecules*. 2023; 13(12): 1680. <https://doi.org/10.3390/biom13121680>
15. Kozomara A., Griffiths-Jones S. miRBase: annotating high confidence microRNAs using deep sequencing data. *Nucleic Acids Res*. 2014; 42(Database issue):D68–73. <https://doi.org/10.1093/nar/gkt1181>
16. Bertolini E., Verelst W., Horner D.S., Gianfranceschi L., Piccolo V., Inzé D., Pè M.E., Mica E. Addressing the role of microRNAs in reprogramming leaf growth during drought stress in *Brachypodium distachyon*. *Mol Plant*. 2013; 6(2): 423–443. <https://doi.org/10.1093/mp/sss160>
17. Zhang R., Marshall D., Bryan G.J., Hornyik C. Identification and characterization of miRNA transcriptome in potato by high-throughput sequencing. *PLoS One*. 2013; 8(2): e57233. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057233>
18. Glazov E.A., Kongsuwan K., Assavalapsakul W., Horwood P.F., Mitter N., Mahony T.J. Repertoire of bovine miRNA and miRNA-like small regulatory RNAs expressed upon viral infection. *PLoS One*. 2009; 27: 4(7): e6349. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006349>
19. Fromm B., Worren M.M., Hahn C., Hovig E., Bachmann L. Substantial loss of conserved and gain of novel MicroRNA families in flatworms. *Mol Biol Evol*. 2013; 30(12): 2619–2628. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst155>
20. Morin R.D. *et al.* Application of massively parallel sequencing to microRNA profiling and discovery in human embryonic stem cells. *Genome Res*. 2008; 18(4): 610–621. <https://doi.org/10.1101/gr.7179508>
21. Watahiki A. *et al.* MicroRNAs associated with metastatic prostate cancer. *PLoS One*. 2011; 6(9): e24950. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024950>
22. Hossain M.J., Nyame P., Monde K. Species-Specific Transcription Factors Associated with Long Terminal Repeat Promoters of Endogenous Retroviruses: A Comprehensive Review. *Biomolecules*. 2024; 14(3): 280. <https://doi.org/10.3390/biom14030280>
23. Garcia-Etxebarria K., Jugo B.M. Evolutionary history of bovine endogenous retroviruses in the *Bovidae* family. *BMC Evol Biol*. 2013; 13: 256. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-13-256>
6. Popov D.V., Kosovsky G.Yu., Glazko V.I., Glazko T.T. Heterozygosity control using DNA markers in agricultural animal species. Rabbit breeding and animal husbandry. 2022; 3: 44–51 (in Russian). https://doi.org/10.52178/00234885_2022_3_44
7. Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*. 1994; 20(2): 176–183. <https://doi.org/10.1006/geno.1994.1151>
8. Laten H.M., Morris R.O. SIRE-1, a long interspersed repetitive DNA element from soybean with weak sequence similarity to retrotransposons: initial characterization and partial sequence. *Gene*. 1993; 8: 134(2): 153–159. [https://doi.org/10.1016/0378-1119\(93\)90089-1](https://doi.org/10.1016/0378-1119(93)90089-1)
9. Laten H.M., Havecker E.R., Farmer L.M., Voytas D.F. 'SIRE1, an Endogenous Retrovirus Family from Glycine max, Is Highly Homogeneous and Evolutionarily Young *Mol. Biol. Evol.* 2003; 20(8): 1222–1230. <https://doi.org/10.1093/molbev/msg142>
10. Lee J.H., Graybosch R.A., Kaeppler S.M., Sears R.G. A PCR assay for detection of a 2RL.2BS wheat-rye chromosome translocation. *Genome*. 1996; 39(3): 605–608. <https://doi.org/10.1139/g96-076>
11. Galli J., Almiñana C., Wiesendanger M., Schuler G., Kowalewski M.P., Klisch K. Bovine placental extracellular vesicles carry the fusogenic syncytin BERV-K1. *Theriogenology*. 2024; 15: 223: 59–69. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2024.04.012>
12. Baba K. *et al.* Identification of novel endogenous beta retroviruses which are transcribed in the bovine placenta. *J Virol*. 2011; 85(3): 1237–1245. <https://doi.org/10.1128/JVI.01234-10>
13. Xiao R., Kim J., Choi H., Park K., Lee H., Park C. Characterization of the bovine endogenous retrovirus beta-3 genome. *Mol Cells*. 2008; 29: 25(1): 142–147.
14. Sakurai T., Kusama K., Imakawa K. Progressive Exaptation of Endogenous Retroviruses in Placental Evolution in Cattle. *Biomolecules*. 2023; 13(12): 1680. <https://doi.org/10.3390/biom13121680>
15. Kozomara A., Griffiths-Jones S. miRBase: annotating high confidence microRNAs using deep sequencing data. *Nucleic Acids Res*. 2014; 42(Database issue):D68–73. <https://doi.org/10.1093/nar/gkt1181>
16. Bertolini E., Verelst W., Horner D.S., Gianfranceschi L., Piccolo V., Inzé D., Pè M.E., Mica E. Addressing the role of microRNAs in reprogramming leaf growth during drought stress in *Brachypodium distachyon*. *Mol Plant*. 2013; 6(2): 423–443. <https://doi.org/10.1093/mp/sss160>
17. Zhang R., Marshall D., Bryan G.J., Hornyik C. Identification and characterization of miRNA transcriptome in potato by high-throughput sequencing. *PLoS One*. 2013; 8(2): e57233. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057233>
18. Glazov E.A., Kongsuwan K., Assavalapsakul W., Horwood P.F., Mitter N., Mahony T.J. Repertoire of bovine miRNA and miRNA-like small regulatory RNAs expressed upon viral infection. *PLoS One*. 2009; 27: 4(7): e6349. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006349>
19. Fromm B., Worren M.M., Hahn C., Hovig E., Bachmann L. Substantial loss of conserved and gain of novel MicroRNA families in flatworms. *Mol Biol Evol*. 2013; 30(12): 2619–2628. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst155>
20. Morin R.D. *et al.* Application of massively parallel sequencing to microRNA profiling and discovery in human embryonic stem cells. *Genome Res*. 2008; 18(4): 610–621. <https://doi.org/10.1101/gr.7179508>
21. Watahiki A. *et al.* MicroRNAs associated with metastatic prostate cancer. *PLoS One*. 2011; 6(9): e24950. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024950>
22. Hossain M.J., Nyame P., Monde K. Species-Specific Transcription Factors Associated with Long Terminal Repeat Promoters of Endogenous Retroviruses: A Comprehensive Review. *Biomolecules*. 2024; 14(3): 280. <https://doi.org/10.3390/biom14030280>
23. Garcia-Etxebarria K., Jugo B.M. Evolutionary history of bovine endogenous retroviruses in the *Bovidae* family. *BMC Evol Biol*. 2013; 13: 256. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-13-256>

ОБ АВТОРАХ

Тимур Алипович Эркенов¹

кандидат сельскохозяйственных наук, директор Аграрного института
erkenov_timur@yahoo.com

Глеб Юрьевич Косовский²

доктор биологических наук, член-корреспондент Российской академии наук, директор
<https://orcid.org/0000-0003-3808-3086>

¹Северо-Кавказская государственная академия, Ставропольская ул., 36, Черкесск, 369000, Россия

²Научно-исследовательский институт пушного звероводства и кролиководства им. В.А. Афанасьева, ул. Трудовая, 6, пос. Родники, Раменский р-н, Московская обл., 140143, Россия

ABOUT AUTHORS

Timur Alipovich Erkenov¹

Candidat of Agricultural Sciences, Director of the Agricultural Institute
erkenov_timur@yahoo.com

Gleb Yurievich Kosovsky²

Doctor of Biological Sciences, Corresponding Member of the Russian Academy of Sciences, Director
<https://orcid.org/0000-0003-3808-3086>

¹North Caucasus State Academy, 36 Stavropolskaya Str., Cherkessk, 369000, Russia

²Scientific Research Institute of Fur-Bearing Animal Breeding and Rabbit Breeding named after V.A. Afanasyev, 6 Trudovaya Str., Rodniki village, Ramensky district, Moscow region, 140143, Russia