

## ОТЗЫВ

**на автореферат диссертации Бакоева Сирождина Юсуфовича по теме «Анализ генетической архитектуры селекционно-ценных признаков свиней с применением современных методов обработки и интерпретации геномных данных», представленной на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.7. Генетика**

Анализ геномных данных предоставляет селекционерам дополнительные возможности по более точной оценке племенной ценности животных. Повышение точности оценки генотипа сопровождается увеличением эффектов отбора, а также позволяет проводить одновременное улучшение признаков, имеющих отрицательную корреляцию по фенотипическим показателям. В этой связи исследования С.Ю. Бакоева, посвященные разработке и апробации современных методов геномного анализа для изучения генетической архитектуры хозяйственно-ценных признаков у свиней являются актуальными, перспективными и востребованными отраслью. Понимание молекулярно-генетических основ селекции носит как фундаментальный, так и прикладной характер.

В ходе исследований автор использовал широкий спектр современных молекулярно-генетических, биоинформатических и статистических подходов, включая полногеномный ассоциативный анализ (GWAS), методы идентификации подписей отбора (iHS, nSL, iHH12), анализ вариаций числа копий (CNV), а также инновационные методы машинного обучения и глубоких нейронных сетей для анализа областей гомозиготности (ROH). Комплексный характер исследования, сочетающий классические популяционно-генетические методы с передовыми алгоритмами искусственного интеллекта, подчеркивает его новизну и соответствие мировому уровню.

В своих исследованиях автором проведен масштабный анализ генетического разнообразия и аутозиготности диких кабанов и нескольких коммерческих пород свиней, а также внутривидовой дифференциации свиней породы крупная белая отечественной и импортной селекции. Методами GWAS и машинного обучения выявлены генетические варианты-предикторы, ассоциированные с плодовитостью свиноматок. Установлена связь вариаций числа копий (CNV) с продуктивными признаками и дефектами конечностей. Разработан и успешно апробирован принципиально новый подход к анализу данных – визуализации ROH в виде геномных карт и их классификации с помощью сверхточных нейронных сетей (CNN). Метод показал 100% точность в межпородной дифференциации; при оценке генетической изменчивости, связанной с дефектами конечностей, точность модели составила 0,76.

Диссертационная работа выполнена методически правильно. Выводы и предложения производству объективно вытекают из содержания полученных данных, соответствуют поставленным целям и задачам и бесспорно имеют большое научное и прикладное значение.

Основные положения диссертации нашли отражение в 35 публикациях автора, из них 23 – в высокорейтинговых журналах, индексируемых в международных базах Scopus и Web of Science (Q1-Q2), а также 2 патентах на изобретение и 3 свидетельствах о государственной

регистрации баз данных и программ для ЭВМ. Результаты работы неоднократно докладывались и обсуждались на ведущих международных и всероссийских конференциях, что свидетельствует о признании научным сообществом.

Практическая значимость работы заключается в том, что разработанные модели, алгоритмы и выявленные генетические маркеры могут быть непосредственно внедрены в селекционно-генетические центры для повышения точности отбора животных с желательными признаками и управления генетическим разнообразием.

Автором выполнен большой объем исследований. Вместе с тем, хотелось бы получить от диссертанта несколько пояснений:

1. Коэффициенты детерминации моделей Deep Learning и Ridge-regression при оценке количества поросят при рождении по критериям оценки (MAE, MSE, RMSE,  $R^2$ , RMSLE) составили 0,939 и 0,975, т.е. показали, практическую 100%-ную точность. На какой эффект селекции при отборе, по многоплодию за поколение, например, при чистопородном разведении свиней крупной белой породы можно рассчитывать при использовании этих моделей в практической селекции?

2. Как визуально проявились дефекты конечностей у свиней крупной белой породы, различающихся по генетическим маркерам 6:142358005-143865882 (гены *CTH* и *SRSF11*), 1:41300464-42881624 (ген *MANIA1*) и 3:123404335-123460528. Разработана ли классификация дефектов конечностей, установлена ли связь проявления дефектов конечностей с возрастом и живой массой свиней?

Диссертационная работа С.Ю. Бакоева представляет собой законченное, фундаментальное научное исследование, характеризующееся высокой актуальностью, научной новизной, теоретической и практической значимостью. Она полностью соответствует критериям, установленным Положением о присуждении ученых степеней №842 от 24.09. 2013 г. (с изменениями и дополнениями), а ее автор заслуживает присуждения искомой ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.7. Генетика.

Доктор с.-х. наук (специальности 06.02.07 Разведение, селекция и генетика с.-х. животных; 06.02.10 Частная зоотехния, технология производства продуктов животноводства), руководитель научно-исследовательского отдела селекции животных ООО «Башкирская мясная компания», rud\_ai@tavros.ru

Рудь  
Андрей Иванович

ООО «Башкирская мясная компания»;  
450001, Республика Башкортостан, г. Уфа,  
ул. Проспект Октября, д. 1; тел.: 8 (347) 246 44 29

Подпись руководителя научно-исследовательского отдела  
селекции животных, доктора с.-х. наук А.И. Рудя заверяю:

Офис-менеджер аппарата управления  
ООО «Башкирская мясная компания»



Юнусова Л.С.