

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Бакоева Сирождина Юсуфовича «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.

Автореферат диссертационной работы Бакоева Сирождина Юсуфовича содержит результаты исследования по изучению генетической архитектуры селекционно-ценных признаков свиней с применением современных методов обработки и интерпретации геномных данных.

Диссертационная работа представляет собой исследование генетической изменчивости свиней породы крупная белая с использованием биоинформатических подходов, что позволило провести комплексный анализ уровней аутозиготности у этой породы, а также у пород ландрас, дюрок и дикого кабана, выявив следы инбридинга и искусственного отбора, влияющие на адаптивные и продуктивные характеристики. В рамках исследования идентифицированы генетические маркеры, связанные с селекционными процессами, определены различия в геномах свиней крупной белой породы из различных селекционных центров, а также аннотированы локусы, раскрывающие молекулярные механизмы адаптации.

Особое внимание уделено оценке вклада вариаций числа копий (CNV) в фенотипическую изменчивость продуктивных признаков, что расширяет понимание структурных изменений генома. Кроме того, протестированы модели машинного обучения, включая гребневую регрессию и машинное обучение, для полногеномного ассоциативного анализа репродуктивных признаков, таких как количество поросят при рождении, что позволило установить SNP-предикторы, связанные с ростом фолликулов, имплантацией и эмбриональным развитием. Разработан подход к анализу областей гомозиготности (ROH) с применением нейронных сетей и визуализации данных, позволяющий дифференцировать породы и изучать сложные признаки свиней.

Результаты работы вносят значительный вклад в современную геномику сельскохозяйственных животных, предлагая инструменты для оптимизации селекционных программ, повышения продуктивности, устойчивости к стрессам и заболеваниям, а также для эффективного управления генетическими ресурсами, что соответствует современным требованиям в области биоинформатики и имеет высокую практическую значимость для животноводства.

Апробация результатов исследования автором выполнена на десятках конференций различного уровня. По теме диссертации автором опубликовано 30 статей, из них 25 – в журналах, индексируемых в международных базах Scopus и Web of Science, а 5 – в журналах, входящих в Перечень ведущих рецензируемых научных журналов РФ; 2 патента на изобретение, 3 свидетельства о государственной регистрации.

Имеются некоторые вопросы к работе:

1) В работе подчеркивается, что "решающим фактором является не длина или количество сегментов ROH, а уникальность ландшафта областей гомозиготности". Могли бы Вы подробнее объяснить, что именно подразумевается под "уникальностью ландшафта" и как этот параметр количественно оценивался или интерпретировался в контексте исследования?

2) Идентифицированные "подписи отбора" аннотированы относительно селекционно-значимых признаков. Могли бы Вы привести несколько конкретных примеров таких подписей и связанных с ними генов/локусов, а также их предполагаемую функциональную роль в формировании признаков свиней?

3) Влияние вариаций числа копий геномных участков (CNV) на изменчивость селекционно значимых признаков свиней было показано. Могли бы Вы привести примеры наиболее значимых CNV, их локализацию в геноме и признаки, на которые они оказывают наибольшее влияние? Каков механизм их влияния?

4) Автором предложен новый подход для анализа областей гомозиготности ROH с применением нейронных сетей (CNN). Каковы основные преимущества и ограничения этого подхода по сравнению с традиционными методами анализа ROH?

5) В практической значимости работы упоминается "оптимизация селекционных программ". Могли бы Вы перечислить конкретные рекомендации или направления для применения полученных результатов в реальных селекционных программах, например, для повышения плодовитости или устойчивости к заболеваниям?

6) В работе пишется - выбраны свиньи породы крупная белая в количестве 1200 голов и путем синтезирования данных их количество было доведено до 5000 голов. Что это значит и каким образом они были синтезированы?

7) В работе утверждается, что программа RZooROH предпочтительнее для анализа демографической истории, но автор все же использует программу Plink. Можете ли это объяснить?

Основные обобщения и выводы в работе соответствуют цели и задачам исследования, сформулированы четко, вытекают из анализа полученных данных и их достоверность не вызывает сомнений. Все изложенное выше позволяет считать, что диссертационное исследование Бакоева Сирождина Юсуфовича «Анализ генетической архитектуры селекционно-ценных признаков свиней с применением современных методов обработки и интерпретации геномных данных», соответствует требованиям, предъявляемым к докторским диссертациям, а ее автор заслуживает присуждения ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.7. Генетика.

Доктор биологических наук (03.02.07),
ведущий научный сотрудник лаборатории

нейробиологии развития,
Федерального государственного
бюджетного учреждения науки Институт
биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН

Рустем Абузарович Ильясов

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН
Адрес: 119334, г. Москва, ул. Вавилова, д.26
Тел. 89174612386, e-mail: apismell@mail.ru

Дата: 08 сентября 2025 г.

Подпись Ильясова Рустема Абузаровича заверяю:

наз. ок. Протокола Е.А. Ю

