

## ОТЗЫВ

официального оппонента, доктора биологических наук,  
Ковалюк Натальи Викторовны, ведущего научного сотрудника  
лаборатории биотехнологии с вмененными обязанностями по руководству  
данной лабораторией Федерального государственного бюджетного научного  
учреждения «Краснодарский научный центр по зоотехнии и ветеринарии» на  
диссертационную работу Бакоева Сирождина Юсуфовича на тему: «Анализ  
генетической архитектуры селекционно-ценных признаков свиней с  
применением современных методов обработки и интерпретации геномных  
данных», представленную на соискание ученой степени доктора  
биологических наук по специальности  
1.5.7. Генетика (биологические науки)

### **Актуальность темы исследования.**

С каждым годом увеличивается количество различных биоинформатических подходов, применяемых для научных и прикладных исследований генома.

Однако, на сегодняшний день не существует четких алгоритмов и универсальных методов, применяемых для всех задач и наборов данных. Различные биологические контексты представляют уникальные характеристики данных, такие как различные уровни шума, размеры выборки и сложность признаков, влияющие на результат.

В связи с этим необходимо проводить исследования, экспериментально сравнивать и определять наиболее подходящие решения для каждого уникального набора данных и исследовательских целей.

Автором в этой связи сделана попытка решить ряд задач, связанных с оценкой генетического разнообразия, идентификацией подписей положительного отбора, а также ключевых генетических вариантов, определяющих селекционно-значимые признаки свиней, что, несомненно, является актуальным направлением.

## **Степень разработанности научных положений, выводов и рекомендаций, сформулированных в диссертации, их достоверность и новизна.**

Сформулированные в диссертационном исследовании положения и выводы в общем аргументированы и логически вытекают из анализа значимого массива экспериментальных данных. Так для оценки генетического разнообразия и уровня аутозиготности *Sus scrofa* (дикий кабан) и *Sus scrofa domesticus* (домашняя свинья) были проанализированы данные генотипирования животных трех коммерческих пород: крупная белая ( $n = 68$ ), ландрас ( $n = 73$ ), дюрок ( $n = 70$ ), а также европейские дикие кабаны ( $n = 87$ ). Для оценки генетического разнообразия и уровня аутозиготности были выбраны свиньи породы крупная белая отечественной (КБ1,  $n = 99$ ) и импортной селекции (КБ2,  $n = 207$ ; КБ3,  $n = 170$ ). Для проведения полногеномного ассоциативного анализа с применением комплекса линейных моделей и алгоритмов машинного обучения были выбраны свиньи породы крупная белая в количестве 1200 голов.

Следует отметить, что в России такого рода исследования, к сожалению, являются практически уникальными. В мире подобные работы ведутся достаточно активно.

### **Цель исследований.**

Цель исследований сформулирована следующим образом: исследование генетической изменчивости свиней коммерческих пород крупная белая, ландрас и дюрок для оценки генетического разнообразия, идентификации подписей положительного отбора, отражающих селекционные процессы, а также ключевых генетических вариантов, определяющих селекционно-значимые признаки, с применением различных биоинформатических методов. Анализ диссертационной работы показал, что автору удалось достичь поставленной цели.

### **Задачи исследований.**

Соответствуют поставленной цели. Следует отметить, что диссертантом были решены несколько задач, имеющих непосредственный практический выход. Особенно ценным, на мой взгляд, является разработка визуализации и классификации областей гомозиготности (ROH) на основе данных полногеномного генотипирования с применением сверточных нейронных сетей (CNN).

### **Научная новизна.**

Впервые предложен новый подход для анализа областей гомозиготности путем визуализации данных ROH в карты-изображения и последующего анализа с применением сверточных нейронных сетей (CNN). Проведены исследования генетической изменчивости свиней породы крупная белая на основе широкого спектра биоинформатических методов. Определена генетическая дифференциация между различными группами domestифицированных и диких животных и выявлены ключевые различия в их генетическом фоне. Предложена аннотация ключевых генетических локусов, отражающих подпериод отбора, что проливает свет на молекулярно-генетические механизмы адаптации и селекционного процесса.

### **Значимость выводов и рекомендаций, полученных в диссертации, для науки и практики**

Следует отметить, что полученные модели и аналитические подходы могут быть непосредственно внедрены в практику селекционно-генетических центров для более точного отбора животных с желательными характеристиками, что необходимо для успешного развития отрасли в настоящее время.

### **Оценка содержания диссертации**

Диссертация изложена на 323 страницах и содержит все обязательные разделы: введение, обзор литературы, материалы и методы исследований, результаты собственных исследований и их обсуждение, заключение, список литературы. Работа содержит 21 таблицу и 79 рисунков, приложения. Список литературы включает 385 источников.

**Введение** содержит обоснование актуальности проблемы, степень разработанности темы, формулировки цели и задач. Отмечены научная новизна, теоретическая и практическая значимость работы. Сформулированы положения, выносимые на защиту.

**В обзоре литературы** подробно описаны современные представления о доместикации животных, подписях отбора, об основных методах определения пробега гомозиготности, о влиянии числа копий последовательностей на проявление значимых признаков, описаны алгоритмы машинного обучения и искусственные нейронные сети.

**В главе «Материалы и методы исследований»** описаны общая структура исследования, подходы к формированию исследуемых выборок.

При выполнении диссертационной работы автор использовал самые современные биологические методы. Следует отметить высокий уровень как лабораторных исследований, так и биоинформатической обработки полученных данных.

Глава «Результаты и обсуждение» включает описание исследований генетической изменчивости свиней породы крупная белая на основе широкого спектра биоинформатических методов. Определение уровня аутозиготности дикого кабана и свиней пород крупная белая, ландрас и дюрок, относящихся к современному коммерческому поголовью.

Автором изучено генетическое разнообразие и уровень аутозиготности свиней породы крупная белая, разводимых на территории РФ до и после процессов интенсификации. Определена генетическая дифференциация между современными свиньями породы крупная белая из разных селекционных центров и выявлены ключевые различия в их генетическом фоне. Предложена аннотация ключевых генетических локусов, отражающих подписи отбора, что проливает свет на молекулярно-генетические механизмы адаптации и селекционного процесса.

Протестированы различные модели для реализации полногеномного ассоциативного анализа, показана применимость для этих задач алгоритмов машинного обучения и искусственных нейронных сетей.

Предложен новый подход для анализа областей гомозиготности путем визуализации данных ROH в карты-изображения и последующего анализа с применением сверточных нейронных сетей (CNN).

В главе «Заключение» проведено обобщение наиболее значимых результатов исследований.

Выводы основаны на результатах исследования, соответствуют поставленным задачам и имеют важное научно-практическое значение.

Диссертация оформлена в соответствии с правилами. Особых замечаний нет.

Содержание автореферата соответствует основным положениям диссертации.

Основные положения диссертации представлены в 30 работах, из них 25 – в журналах, индексируемых в международных базах Scopus и Web of Science («Biology», «Animal Bioscience», «Genes», «Life», «PeerJ», «Цитология и генетика», «Экологическая генетика», «Animals»); 5 – в журналах, входящих в Перечень ведущих рецензируемых научных журналов РФ; получены 2 патента на изобретение: RU № 2634404 C2 (2017) и RU № 2822777 C1 (2024) и 3 свидетельства о государственной регистрации: одна база данных (2015) и две программы для ЭВМ (2016, 2017).

Вопросы и замечания по оппонированной диссертации:

1. Присутствуют орфографические ошибки, ошибки оформления. Так, например, на стр. 84, 85 и 86 диссертации слово «инбридинг» написано неверно, а рисунки 4 и 5 одинаковые по содержанию, но подписи под ними разные.
2. Обнаруженный высокий уровень геномного инбридинга у диких кабанов (до 0.555) контрастирует с традиционным представлением о генетическом разнообразии диких животных. Какие демографические

или антропогенные факторы, по вашему мнению, обусловили эту аномалию, и какие стратегии сохранения субпопуляций дикого кабана Вы могли бы предложить?

3. Предложенный вами метод визуализации областей гомозиготности (ROH) как изображений с последующей классификацией сверточных нейронных сетей CNN — принципиально новый подход. Какие биологические закономерности "ландшафта гомозиготности" недоступны методам, предложенным другими авторами?
4. Вы отмечаете, что Патенты RU № 2822777 (2024) и база данных аутомомных маркеров свиней внедрены в селекцию. Меняют ли геномные подходы, предложенные в работе, традиционные схемы гибридизации (например, тройственных скрещиваний)?

Следует отметить, что вопросы и замечания не влияют на общую положительную и высокую оценку работы и во многом связаны со сложностью и необычностью работы. Считаю, что рассматриваемая диссертационная работа является самостоятельным, интересным и завершенным научным исследованием.

#### **Заключение.**

Суммируя вышеизложенное, необходимо отметить, что выполненная автором работа, вносит большой вклад в развитие понимания генетических механизмов, детерминирующих важные хозяйственно-полезные признаки.

На основании анализа рукописи диссертации, представленного автореферата и публикаций Бакоева Сирождина Юсуфовича, считаю, что рассматриваемая диссертационная работа «Анализ генетической архитектуры селекционно-ценных признаков свиней с применением современных методов обработки и интерпретации геномных данных» является самостоятельным и завершенным исследованием. По своей актуальности и уровню экспериментальных исследований, теоретического анализа полученных данных, научной новизне и возможной прикладной значимости диссертационная работа соответствует п. 9 «Положения о

порядке присуждения ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 года № 842, а её автор достоин присуждения ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.7. Генетика (биологические науки).

Официальный оппонент:

Гражданка Российской Федерации,  
доктор биологических наук (1.5.6.),  
ведущий научный сотрудник лаборатории  
биотехнологии ведущий научный сотрудник с  
вмененными обязанностями по руководству  
лабораторией биотехнологии Федерального  
государственного бюджетного научного  
учреждения «Краснодарский научный центр по  
зоотехнии и ветеринарии» (ФГБНУ КНЦЗВ)



Ковалюк

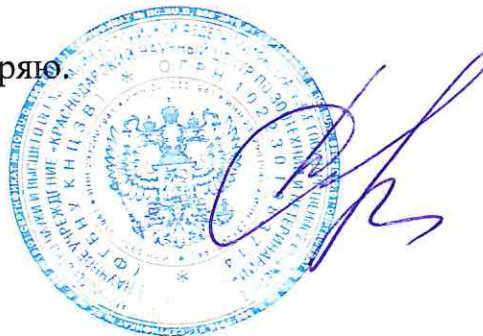
Наталья Викторовна

15.09.2025

Адрес: 350055, г. Краснодар, п. Знаменский, ул.  
Первомайская 4  
тел. +7 918 3774277;  
e-mail: nvk1972@yandex.ru

Подпись Ковалюк Н. В. заверяю.

Ученый секретарь



Петренко

Юлия Юрьевна