

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Белой Елены Валентиновны на тему:
«Генетическое маркирование признаков продуктивности мясного скота на
основе полногеномного SNP - типирования» по специальности 4.2.5.
Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных а на соискание
ученой степени доктора биологических наук

Актуальность. На сегодняшний день использование ДНК-диагностики хозяйственно-полезных признаков является одним из важных направлений в селекции крупного рогатого скота, поскольку, в дополнение к традиционным методам селекции, позволяет диагностировать племенную ценность животных в раннем возрасте, а также осуществлять целенаправленный отбор и подбор родительских пар. Как известно, использование полногеномной оценки племенных животных является дорогим мероприятием и возможно только при наличии определенной референсной группы. При работе с малочисленными локальными и генофондовыми породами создание небольших диагностических панелей, содержащих несколько десятков маркеров селекционно-значимого признака является перспективным и относительно не дорогим решением для определения племенной ценности животных и разработки селекционных программ.

Степень обоснованности научных положений выводов и рекомендаций, сформулированных в диссертации. Обоснованность научных положений, выводов и рекомендаций базируется на достаточном объеме данных, полученных лично автором, на основе изучения генетического маркирования признаков продуктивности мясного скота на основе полногеномного SNP-типирования. Цель и задачи диссертационной работы сформулированы корректно. Содержание автореферата дает довольно полное представление о результатах проведенных исследований. Полученные данные систематизированы, биометрический обработаны и проанализированы. Выводы, сформулированные в диссертационной работе, отражают решение задач и логически вытекают из результатов анализа полученного материала.

Достоверность и новизна каждого конкретного вывода или результата диссертации.

Научные положения, представленные диссидентом-аргументированы, результаты и выводы-достоверны, так как получены на большом количестве изученного фактического материала. Обработка экспериментальных данных проводилась с использованием статистических, популяционно-генетического и биометрического методов анализа, реализованных в программах Microsoft Office, PLINK «Microsoft Excel 2010» и «Statistica 6.0» (StatSoft, Inc. 1994 – 2001). Биологические процессы, контролируемые генами, в пределах которых находятся SNP высокой и пограничной значимости, ассоциированные с признаками мясной продуктивности у исследуемых пород, а также молекулярные функции их белковых продуктов были охарактеризованы посредством баз данных Ensembl (<https://www.ensembl.org>), PANTHER pathway (<http://www.pantherdb.org>), MGI-Mouse Genome Informatics (<https://www.informatics.jax.org>), UniProtKB

(<https://www.uniprot.org>), KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes 7 (<https://www.genome.jp>) и Rat Genome Database - Medical College of Wisconsin (<https://rgd.mcw.edu>). Для анализа данных о QTL крупного рогатого скота использована база NRSP-8: National Animal Genome Research Program «Bioinformatics Coordination Program» (<https://www.animalgenome.org>).

Автором впервые проведен полногеномный поиск ассоциаций 150 000 SNP в популяциях казахской белоголовой и аулиекольской породы. Выявлено 120 породоспецифичных SNP, ассоциированных с живой массой при рождении, в 6 и 12 месяцев и среднесуточным приростом у казахской белоголовой породы и 49 – у аулиекольской породы. Из них 59 и 9 SNP высокой ($p \leq 0,000001$), 61 и 40 пограничной ($p \leq 0,00001$) степени значимости для казахской белоголовой и аулиекольской пород соответственно.

Охарактеризовано их распределение по хромосомам и локализация в различных функциональных областях генома. Впервые получены данные, характеризующие генетическую структуру поголовья аулиекольской и казахской белоголовой пород казахстанской селекции по SNP, локализованным в общепородных и породоспецифичных участках генома и ассоциированным с живой массой и среднесуточным приростом в разные периоды онтогенеза. Определены биологические процессы, в которых участвуют выявленные гены-кандидаты и молекулярные функции их белковых продуктов. Выполнена количественная оценка фенотипических эффектов генотипов SNP высокой и пограничной значимости на признаки мясной продуктивности. Выявлено влияния парных сочетаний генотипов SNP на усвоения корма, оценен экономический эффект от разведения животных аулиекольской и казахской белоголовой пород разных генотипов.

Ценность для науки практики. Примененный подход к поиску новых генетических маркеров продуктивности и предложенная система оценки их фенотипических эффектов на основании данных, получаемых с помощью биочипа, может быть использована для поиска генетических маркеров продуктивности для других пород крупного рогатого скота и других видов сельскохозяйственных животных. Выявлены генотипы, ассоциированные с повышенным и пониженным уровнем мясной продуктивности у крупного рогатого скота аулиекольской и казахской белоголовой пород, которые предложены для применения в селекционных программах. Проведение оценки генетического потенциала мясной продуктивности молодняка по этим генетическим маркерам позволит интенсифицировать селекционную работу в стадах, существенно увеличить производство мяса и получение прибыли, повысить экономическую эффективность хозяйственной деятельности предприятий. Разработаны две тест-системы для ДНК-типирования молодняка казахской белоголовой и аулиекольской породы по SNP, ассоциированным с повышенным генетическим потенциалом живой массы в 12 месяцев. Полученные результаты исследований дополняют и расширяют базу знаний о генетических факторах, определяющих уровень продуктивных качеств крупного рогатого скота в целом, и казахской белоголовой и аулиекольской пород, в частности.

Работа в достаточной степени апробирована. По материалам диссертационной работы опубликовано 47 работ, из них 15 – в журналах,

входящих в «Перечень рецензируемых научных изданий, в которых должны быть опубликованы основные научные результаты диссертаций на соискание ученой степени кандидата наук и доктора наук», 6 – в изданиях, входящих в международные базы цитирования (Scopus, WoS), 3 монографии, получено авторское свидетельство на полезную модель № 7611 от 25.11.2022 г. – РГП «Национальный институт интеллектуальной собственности».

Заключение. В целом диссертация Белой Елены Валентиновны на тему: «Генетическое маркирование признаков продуктивности мясного скота на основе полногеномного SNP - типирования» по специальности 4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных на соискание ученой степени доктора биологических наук является завершенной научно-квалификационной работой, в которой на основании выполненных автором исследований разработаны пути использования полногеномного SNP-тиปирования в селекции мясного скота.

По своей актуальности, новизне, научной и практической значимости, объему проведенных исследований работа Белой Елены Валентиновны полностью соответствует требованием п.9 «Положения о присуждении ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. N 842, а сама автор заслуживает присуждения ученой степени доктора биологических наук по специальности 4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных.

Доктор биологических наук
(06.02.07), доцент,
заместитель директора по научной
работе Башкирского научно-
исследовательского института
сельского хозяйства –
обособленного структурного
подразделения Федерального
государственного бюджетного
научного учреждения Уфимский
федеральный исследовательский
центр Российской академии наук

04.06.2018г.



Седых
Татьяна Александровна

Российская Федерация,
450059, Республика Башкортостан
г. Уфа, ул. Рихарда Зорге, 19.
Телефон/факс: +7 (347) 223-07-08
E-mail: bniishufa@yandex.ru

68