

ВІДГУК

офіційного опонента на дисертацію **АЛЬШАМАЙЛЕХА Хамзи Самі**
на тему: «**Обґрунтування критеріїв відбору із застосуванням маркер-асоційованої селекції у молочному скотарстві**», подану на здобуття ступеня доктора філософії за спеціальністю 204 «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва» з галузі знань 20 «Аграрні науки та продовольство»

Актуальність теми. Сучасні молекулярно-генетичні методи досліджень геномів сільськогосподарських видів тварин, які базуються на аналізі дії окремих генів, точкових мутацій (*SNPs*), локусів кількісних ознак *QTL* (*Quantitative Trait Loci's*) та зчеплених з ними генів, дали стрімкий поштовх розвитку і впровадженню у тваринництво селекції за допомогою маркерів (*Marker Assisted Selection – MAS*). Аналіз спадкової інформації на рівні генів, в основі якого є аналіз поліморфізму ДНК, надає можливість контролювати генетичну структуру популяцій, підтримуючи її алелофонд та проводити аналіз генотипу тварин на рівні генів (локусів), які приймають участь у формуванні якісних та кількісних показників продуктивності. У зв'язку з цим, підвищення генетичного потенціалу сільськогосподарських тварин визначається наявністю інформації щодо генетичної природи ознак продуктивності, що дає можливість цілеспрямованого створення високопродуктивних стад. У цьому аспекті перспективними є локуси генів пролактину (*PRL*), плацентарного лактогену (*PL*), рецептору гормону росту (*GHR*), лептину (*LEP*), фактору некрозу пухлини альфа (*TNF-α*) та міогенного фактору 5 (*MYF5*). Саме на дослідження поліморфізму локусів цих генів у популяціях тварин великої рогатої худоби української селекції і була спрямована дисертація, що і визначає її доцільність та актуальність.

Науково-дослідна робота виконувалася, як складова частина науково-дослідної роботи кафедри біології тварин факультету тваринництва та водних біоресурсів Національного університету біоресурсів і природокористування України, в рамках тематики «Удосконалити фізіолого-біохімічні та молекулярно-генетичні методи прогнозування продуктивності тварин» (номер державної реєстрації 0121U112146).

Наукова новизна одержаних результатів полягає в тому, що здобувачем проведено порівняльний аналіз особливостей генетичної структури популяцій тварин вітчизняної селекції, а саме: української чорно-рябої та червоно-рябої молочних порід за поліморфізмом локусів генів пролактину (*PRL*), плацентарного лактогену (*PL*), рецептору гормону росту (*GHR*), лептину (*LEP*), фактору некрозу пухлини-α (*TNF-α*) та міогенного фактору росту 5 (*MYF5*). Оптимізовано та апробовано методику SSCP-типуювання поліморфізму локусу *TNF-α* та встановлено, що для ефективного генотипування необхідно використовувати 12 % поліакриламідний гель зі співвідношенням акриламід/бісакриламід 100/1 та додаванням

гліцерину до 5 % від загального об'єму гелю. У популяції тварин української чорно-рябої молочної породи встановлено відхилення від стану генетичної рівноваги за локусами *LEP* та *TNF- α* , а у популяції української червоно-рябої молочної породи – за локусами *PRL* та *TNF- α* . Локус плацентарного лактогену (*PL*) за *RsaI*-поліморфізмом у п'ятому екзоні є мономорфним в обох популяціях. Встановлено, що за локусом пролактину для тварин української чорно-рябої молочної породи бажаним генотипом є *CC*, а для тварин української червоно-рябої молочної породи – генотип *TT*; за *GHR* для тварин української чорно-рябої породи характерним є більші значення вмісту жиру в молоці для гомозиготних за алелем *AluI+* тварин ($p < 0,05$); за локусом *LEP* гомозиготні за алелем *C* тварини характеризуються вірогідно більшими надоями молока за 305 днів лактації для обох порід корів ($p < 0,05$, а для чорно-рябої породи виявлений зв'язок генотипу *TT* з вмістом жиру в молоці ($TT > CC$; 3,3 % за першу лактацію). У результаті проведеного аналізу запропоновано перспективні комплексні генотипи для кожної з порід (для української чорно-рябої молочної породи – $PRL^{CC}LEP^{CC}MYF5^{TaqI+/TaqI}$; $GHR^{AluI+/AluI+}LEP^{TT}$, для української червоно-рябої молочної породи – $PRL^{TT}LEP^{CC}$; LEP^{CT}).

Практичне значення роботи. Здобувачем встановлено і рекомендовано перспективні гени-кандидати для покращення селекційної роботи, направленої на збільшення показників молочної продуктивності, а саме: для корів української чорно-рябої молочної породи – локус пролактину (*RsaI*-поліморфізм у п'ятому екзоні), лептину (*HphI*-поліморфізм у третьому екзоні), рецептору гормону росту (*AluI*-поліморфізм промоторного фрагменту) та міогеного фактору 5 (*TaqI*-поліморфізм у другому інтроні); для української червоно-рябої молочної породи – локуси пролактину та лептину відповідно. Встановлено та запропоновано перспективні комплексні генотипи для кожної з порід у напрямку підвищення продуктивності. Доведено необхідність індивідуального аналізу параметрів генетичної структури кожної популяції з досліджуваних порід.

Ступінь обґрунтованості наукових положень, висновків і рекомендацій, сформульованих у дисертації є достатнім, що підтверджується ретельним теоретичним аналізом літературних і власних результатів, розробленою методикою та сучасними методами проведення експериментальних досліджень, репрезентативністю вибірок та статистичним аналізом. Логіка викладення матеріалу відповідає поставленій меті та завданням дисертації.

Структура дисертації побудована відповідно до чинних вимог і представлена: анотаціями українською та англійською мовами, змістом, переліком умовних позначень, вступом, загальною характеристикою роботи, чотирма розділами (які включають огляд літератури, матеріали і методи досліджень, результати власних досліджень, аналіз та узагальнення отриманих результатів), висновками, пропозиціями виробництву, списком використаних джерел. Дисертацію викладено на 172 сторінках комп'ютерного тексту,

що містить 33 рисунки та 29 таблиць. Список використаних джерел містить 231 джерело, у тому числі 182 латиницею.

Повнота викладення в опублікованих працях основних положень дисертації. Основні результати дисертації достатньою мірою викладено у 13 наукових працях, з яких колективна монографія, 4 статті у наукових фахових виданнях України, стаття у науковому виданні, включеному до міжнародної наукометричної бази даних Scopus, 7 тез наукових доповідей.

До найбільш вагомих здобутків дисертації варто віднести такі: проведено порівняльний аналіз генетичної структури та досліджено її вплив на показники молочної продуктивності у популяціях тварин української червоно- та чорно-рябої молочних порід великої рогатої худоби за локусами генів пролактину (*PRL*), плацентарного лактогену (*PL*), рецептору гормону росту (*GHR*), лептину (*LEP*), фактору некрозу пухлини- α (*TNF- α*) та міогенного фактору росту 5 (*MYF5*). Запропоновано бажані комплексні модельні генотипи та оптимізовано методику SSCP-типуювання поліморфізму локусу *TNF- α* . Отримано результати, які вказують на доцільність індивідуального молекулярно-генетичного аналізу кожної популяції на внутрішньопородному рівні.

Загалом, позитивно оцінюючи дисертацію Альшамайлеха Хамзи Самі, слід вказати і на **окремі недоліки, висловити зауваження та побажання:**

Перелік умовних скорочень

1. Бажано було б розширити перелік умовних скорочень.

Вступ

2. У розділі необхідно було б більш детально вказати на доцільність досліджень саме за обраними генами та більш детально обґрунтувати вибір дослідних порід великої рогатої худоби.

Огляд літератури

3. Розділ складається з 11 підрозділів (с. 25–46), у яких детально представлена інформація щодо загальних засад маркер-асоційованої селекції у тваринництві та наведено результати аналізу поліморфізму обраних для дослідження генів, перспективи використання результатів та обґрунтування напряму власних досліджень. Розділ написано переконливо, інформативно і суттєвих зауважень до розділу немає.

Матеріал і методи досліджень

4. У розділі (с. 47–54) представлено окремі етапи проведення молекулярно-генетичних досліджень, наведено формули розрахунків основних генетико-популяційних параметрів, надано необхідну інформацію щодо використаних у дисертації статистичних алгоритмів. Загалом розділ оформлено кваліфіковано, і не виникає сумніву в тому, що дослідження здобувач виконував власноруч.

Результати власних експериментальних досліджень, аналіз та узагальнення

5. Відомо, що різні алельні варіанти гену TNF- α пов'язані з показником кількості соматичних клітин молока, однак, у дисертації відсутні дослідження в цьому напрямку. Чому так? Чи планується продовження досліджень у цьому напрямку?

6. У тексті дисертації на рисунках електрофореграм продуктів рестрикції (рис. 3.2, рис. 3.4, рис. 3.5, рис. 3.8, рис. 3.11) відсутні підписи генотипів та розписаний крок маркеру молекулярних мас.

7. З тексту дисертації не зовсім зрозуміло, чому були обрані гени пролактину, плацентарного лактогену, рецептору гормону росту, лептину, фактору некрозу пухлини- α та міогенного фактору росту 5 в якості об'єктів досліджень. Чи є фізіологічний зв'язок між дослідними генами, який проявляється на рівні взаємодії їх продуктів?

8. У дисертації бажано було б надати інформацію щодо механізму впливу поліморфізмів досліджених генів на показники молочної продуктивності у великої рогатої худоби у загальній системі функціонування лактогеному.

9. У роботі відсутня інформація щодо кількості тварин з комплексними генотипами для популяції тварин української чорно-рябої молочної – PRL^{CC}LEP^{CC}MYF5^{TaqI+/TaqI}; GHR^{AluI+/AluI+} LEP^{TT} та української червоно-рябої молочної порід – PRL^{TT} LEP^{CC}; LEP^{CT}). Чому аналіз проводили за показниками продуктивності трьох лактацій?

10. Виникає питання – яке методичне значення має використання біоінформаційних методів аналізу нуклеотидних послідовностей у контексті загальної схеми досліджень? Чи є це обов'язковим етапом? В яких випадках, за умови використання різних типів молекулярно-генетичних маркерів, слід використовувати методи біоінформатики?

Висновки

11. Окремі висновки мають декларативний характер.

Зауваження до форми викладу:

12. У тексті дисертації зустрічаються невідлі терміни та стилістичні обороти.

Водночас зауваження не є суттєвими, не стосуються принципових положень дисертації, носять дискусійний характер і не зменшують її актуальності.

Загальний висновок. Враховуючи актуальність теми, обсяг досліджень, наукову новизну, кваліфікаційний рівень, аналіз одержаних результатів, апробацію, зміст висновків, вважаю, що дисертація на тему: «Обґрунтування критеріїв відбору із застосуванням маркер-асоційованої селекції у молочному скотарстві», відповідає вимогам Порядку підготовки здобувачів вищої освіти ступеня доктора філософії та доктора наук у закладах вищої освіти (наукових установах), затвердженого постановою Кабінету Міністрів України від 23 березня 2016 року № 261 (із змінами, внесеними згідно з Постановами Кабінету Міністрів України № 283 від 03.04.2019 р. та № 502 від 19.05.2023 р.), наказу МОН України № 40 від 12 січня

2017 року «Про затвердження Вимог до оформлення дисертації» (із змінами, внесеними згідно з Наказом Міністерства освіти і науки України № 759 від 31.05.2019 р.) і Порядку присудження ступеня доктора філософії та скасування рішення разової спеціалізованої вченої ради закладу вищої освіти, наукової установи про присудження ступеня доктора філософії, затвердженого постановою Кабінету Міністрів України від 12 січня 2022 року № 44 (із змінами, внесеними згідно з Постановами Кабінету Міністрів України № 341 від 21.03.2022 р. та № 502 від 19.05.2023 р.), а її автор Альшамайлех Хамза Самі заслуговує на присудження ступеня доктора філософії за спеціальністю 204 «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва» галузі знань 20 «Аграрні науки та продовольство».

Офіційний опонент
Головний науковий співробітник
відділу генетики та біотехнології
Інституту розведення і генетики тварин
імені М. В. Зубця НААН,
доктор сільськогосподарських наук,
професор

Кирило КОПИЛОВ

Підпис К. В. Копилова засвідчую
Вчений секретар
Інституту розведення і генетики тварин
імені М. В. Зубця НААН,
кандидат сільськогосподарських наук,
старший науковий співробітник



Юрій МІЛЬЧЕНКО