

**Карпеня М.М.**

доктор сельскохозяйственных  
наук, профессор,  
заведующий кафедрой  
гигиены животных  
Витебской государственной  
академии ветеринарной медицины  
(г. Витебск, Беларусь)

**Капитонова Е.А.**

доктор биологических наук, доцент,  
профессор кафедры зоогигиены и  
птицеводства им. А.К. Даниловой  
Московской государственной  
академии ветеринарной медицины  
и биотехнологии им. К.И. Скрябина  
(г. Москва)

**СОХРАНЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ  
ЛОКАЛЬНЫХ ПОРОД ЖИВОТНЫХ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ  
МЕТОДОВ КЛАСТЕРИЗАЦИИ И МАШИННОГО ОБУЧЕНИЯ**

В условиях глобализации животноводства и доминирования ограниченного числа высокоспециализированных трансграничных пород (голштинский скот, йоркширские свиньи, кроссы бройлеров) происходит катастрофическое сокращение генетического разнообразия автохтонных (локальных) популяций. Локальные породы, веками адаптировавшиеся к специфическим климатическим и кормовым условиям конкретных регионов, являются бесценным резервуаром уникальных аллелей, определяющих устойчивость к болезням, неприхотливость и качество продукции. Утрата этого биоразнообразия необратима и несет угрозу продовольственной безопасности в долгосрочной перспективе, особенно перед лицом климатических изменений. Традиционные методы оценки генетической структуры популяций, основанные на анализе родословных и расчете коэффициентов инбридинга по Райту, в условиях отсут-

ствия достоверного племенного учета у аборигенного скота часто оказываются неэффективными. Появление доступных методов полногеномного генотипирования (SNP-чипирование) и алгоритмов машинного обучения без учителя открывает новые горизонты для инвентаризации, характеристики и разработки стратегий сохранения генетических ресурсов [1, 2].

Центральной задачей популяционной генетики является выявление скрытой структуры популяций и оценка степени интрогрессии (смешения) генов коммерческих пород в генофонд локального скота. Методы главных компонент (PCA) и многомерного шкалирования (MDS) традиционно используются для визуализации генетических дистанций, однако они имеют ограничения при работе со сложными, иерархически структурированными данными. Алгоритмы кластеризации на основе машинного обучения, такие как t-SNE и UMAP, позволяют проецировать многомерные генотипические данные в двух- или трехмерное пространство с сохранением локальной топологии данных. Это позволяет с высокой точностью разделять близкородственные субпопуляции и выявлять криптическую (скрытую) подразделенность внутри породы, которая может свидетельствовать о наличии уникальных экотипов или линий, требующих отдельного статуса охраны [3, 4].

Особое значение имеет анализ примеси (Admixture analysis). Алгоритмы машинного обучения, основанные на моделях скрытых марковских цепей (HMM) или байесовском выводе (например, программа STRUCTURE и ее быстрые аналоги ADMIXTURE), позволяют оценивать долю предковых генотипов в геноме каждого индивидуума. Это критически важно для очистки генофонда аборигенных пород от нежелательного прилития крови коммерческих пород. Искусственный интеллект может автоматизировать этот процесс, классифицируя животных на «чистопородных», «гибридов» и «коммерческих» с высокой точностью, используя обученные классификаторы. Это дает возможность формировать «ядра» сохранения породы исключительно из типичных представителей, минимизируя генетическую эрозию [5].

Кроме того, анализ геномных данных позволяет выявлять «сигнатуры селекции» – регионы генома, которые подверглись интен-

сивному отбору в процессе адаптации породы к локальной среде. Методы машинного обучения могут сканировать геном в поисках паттернов сниженного разнообразия или высокой дифференциации, ассоциированных с такими признаками, как устойчивость к жаре, гипоксии (у высокогорных пород) или толерантность к трипаносомозу. Идентификация генов-кандидатов в этих регионах не только проливает свет на эволюционную историю породы, но и указывает на функциональные аллели, которые могут быть интродуцированы в коммерческие породы для повышения их жизнеспособности методами геномного редактирования или возвратного скрещивания [6].

Важной проблемой малых популяций является управление инбридингом. Классический расчет по родословной часто недооценивает реальный уровень гомозиготности. Геномная оценка на основе прогонов гомозиготности (Runs of Homozygosity, ROH) дает точную картину реализованного инбридинга. Длина и распределение ROH по хромосомам позволяют судить о демографической истории популяции: длинные сегменты ROH указывают на недавнее близкородственное скрещивание, тогда как короткие – на эффект «бутылочного горлышка» в далеком прошлом. Алгоритмы оптимизации спаривания (Mate Selection), использующие геномную информацию и методы линейного программирования или генетические алгоритмы, позволяют минимизировать прирост инбридинга в следующих поколениях, максимизируя при этом сохранение редких аллелей. ИИ может моделировать сценарии развития популяции на десятки поколений вперед, выбирая оптимальную стратегию ротации производителей и обмена генетическим материалом между фермами *in situ* и криобанками *ex situ* [7, 8].

Сохранение локальных пород также тесно связано с их экономической валоризацией. Геномная аутентификация продукции (мяса, молока, сыров) является мощным инструментом маркетинга региональных брендов. Разработка панелей SNP-маркеров, специфичных для конкретной породы, и создание на их основе дешевых тест-систем позволяют гарантировать потребителю подлинность происхождения продукта. Машинное обучение, анализируя генотипы, способно с почти 100% точностью определить породную при-

надлежность даже в сложной смеси (например, в фарше), защищая рынок локальной продукции от фальсификата и обеспечивая экономическую базу для содержания этих животных фермерами [9, 10].

Таким образом, синтез классической популяционной генетики и современных вычислительных методов искусственного интеллекта трансформирует подходы к сохранению биоразнообразия. Мы переходим от пассивного «музейного» сохранения к активному управлению генетическими ресурсами, основанному на глубоком понимании геномной архитектуры уникальности локальных пород. Использование этих инструментов позволяет не только сберечь эволюционное наследие прошлого, но и использовать его как стратегический ресурс для адаптации животноводства будущего к меняющимся условиям климата и потребностям рынка.

### **Информационные источники**

1. Голушко В.М. Сравнительный анализ применения биологически активных препаратов и их влияние на качество животноводческой продукции / В.М. Голушко, Е.А. Капитонова // Ученые записки учреждения образования Витебская ордена Знак почета государственная академия ветеринарной медицины. – 2008. – Т. 44, №2-1.

2. Medicinal plants: A source of phytobiotics for the feed additives / S. Ivanova, S. Sukhikh, A. Popov [et al.] // Journal of Agriculture and Food Research. – 2024. – Vol. 16. – P. 101172.

3. Казаровец И.Н. Состояние и перспективы развития свиноводства в республике Беларусь. [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://rep.bsatu.by/bitstream/doc/20281/1/sostoyanie-i-perspektivy-razvitiya-svinovodstva-v-respublike-belarus.pdf> (дата обращения: 01.03.2026).

4. Вереzubова Н.А. Применение нейронных сетей в диагностике алиментарных заболеваний сельскохозяйственной птицы / Н.А. Вереzubова, Е.А. Капитонова, А.А. Чекулаев // Ветеринарное благополучие и управление генетическими ресурсами в животноводстве: Сборник трудов 1-й Научно-практической конференции, Москва, 17 октября 2025 года. – Москва: ООО Издательство «Сельскохозяйственные Технологии», 2025. – С. 735–737.

5. Капитонова Е.А. Умный птичник: как данные и алгоритмы предотвращают падеж птицы / Е.А. Капитонова, И.Н. Вerezубова // Современные тенденции в социально-экономическом развитии общества: Материалы Всероссийской (национальной) научно-практической конференции, Москва, 11–12 декабря 2025 года. – Москва: Московский институт экономики, политики и права, 2026. – С. 4–8.

6. Капитонова Е.А. Применение искусственного интеллекта для регуляции микробиома как фактор повышения благополучия сельскохозяйственной птицы / Е.А. Капитонова, И.Н. Вerezубова, А.А. Чекулаев // Современные тенденции в социально-экономическом развитии общества: Материалы Всероссийской (национальной) научно-практической конференции, Москва, 11–12 декабря 2025 года. – Москва: Московский институт экономики, политики и права, 2026. – С. 15–20.

7. Кочиш И.И. Оптимизация минерального питания: влияние микроэлементов на жизненный тонус сельскохозяйственных птиц / И.И. Кочиш, Е.А. Капитонова, Н.А. Вerezубова // Ученые записки учреждения образования Витебская ордена Знак почета государственная академия ветеринарной медицины. – 2025. – Т. 61, № 4. – С. 51–55.

8. Методы компьютерного зрения, применяемые для идентификации инфекционных болезней кур / А.А. Чекулаев, И.Н. Вerezубова, Е.А. Капитонова, Н.А. Вerezубова // Современные тенденции развития аграрной науки: Сборник научных трудов IV международной научно-практической конференции, Брянск, 15–16 декабря 2025 года. – Брянск: Брянский государственный аграрный университет, 2025. – С. 99–103.

9. Чекулаев А.А. Возможности обнаружения паразитов в мясе с помощью нейросетей на примере трихинеллеза / А.А. Чекулаев, Н.А. Вerezубова // Неделя молодежной науки: Материалы Всероссийской научно-практической конференции, Москва, 17–19 апреля 2024 года. – Москва: Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии – МВА им. К.И. Скрябина, 2024. – С. 361–364.

10. Food security of sustainable development of rural territories / O. Yukovleva, A. Fedotova, N. Verezubova [et al.] // E3s web of confer-

ences : X International Conference on Advanced Agritechnologies, Environmental Engineering and Sustainable Development (AGRITECH-X 2024), Termez, Uzbekistan, 29–30 апреля 2024 года. Vol. 548. – Les Ulis: EDP Sciences, 2024. – P. 02008.