

**Фурс Н.Л.**

кандидат сельскохозяйственных  
наук, доцент, доцент кафедры  
генетики и разведения  
сельскохозяйственных  
животных им. О.А. Ивановой  
Витебской государственной  
академии ветеринарной медицины  
(г. Витебск, Беларусь)

### **ПРЕДИКТИВНАЯ АНАЛИТИКА ФЕРТИЛЬНОСТИ КРС НА ОСНОВЕ МУЛЬТИОМНЫХ ДАННЫХ И МАШИННОГО ОБУЧЕНИЯ**

Снижение репродуктивных качеств высокопродуктивного молочного скота является одной из наиболее острых проблем современного животноводства, ведущей к колоссальным экономическим потерям вследствие удлинения сервис-периода, увеличения затрат на осеменение и преждевременной выбраковки коров. Существует хорошо известная отрицательная генетическая корреляция между удоем и плодовитостью, обусловленная перераспределением энергетических ресурсов организма в пользу лактации в ущерб воспроизводительной функции. Традиционная селекция на повышение фертильности затруднена низкой наследуемостью этих признаков, что делает фенотипический отбор малоэффективным. Геномная селекция позволила несколько улучшить ситуацию, однако точность прогноза репродуктивных качеств по-прежнему уступает признакам продуктивности. В этом контексте перспективным подходом является переход от анализа исключительно геномных вариаций (SNP) к интеграции мультиомных данных (транскриптомики, протеомики, метаболомики) с использованием методов машинного обучения, что позволяет раскрыть функциональные механизмы, лежащие в основе сложного фенотипа фертильности [1].

Репродукция – это комплексный процесс, регулируемый сложной сетью взаимодействий между геномом, эпигеномом и средой. Полногеномный поиск ассоциаций (GWAS) позволил выявить мно-

жество локусов количественных признаков (QTL), ассоциированных с фертильностью, однако большинство из них находятся в некодирующих областях генома и имеют малый эффект. Чтобы понять, как эти вариации реализуются в фенотипе, необходимо анализировать промежуточные молекулярные слои. Транскриптомный анализ (RNA-Seq) эндометрия матки или фолликулярных клеток яичника позволяет идентифицировать гены, дифференциально экспрессирующиеся у фертильных и субфертильных животных. Интеграция данных GWAS и RNA-Seq методами машинного обучения, такими как сетевой анализ, позволяет строить генные регуляторные сети и выявлять ключевые гены-драйверы, контролирующие процессы фолликулогенеза и имплантации эмбриона [2].

Метаболомика и протеомика биологических жидкостей (крови, молока, фолликулярной жидкости) предоставляют информацию о конечном результате экспрессии генов и влиянии метаболического статуса. Например, профиль жирных кислот, аминокислот и гормонов может служить ранним биомаркером успешного оплодотворения или риска эмбриональной смертности. Алгоритмы машинного обучения, такие как Random Forest или Gradient Boosting, способны анализировать сотни метаболитов одновременно, отбирая наиболее информативные признаки для построения предиктивных моделей. Такие «метаболические подписи» могут использоваться для создания экспресс-тестов, позволяющих оценивать готовность коровы к осеменению или прогнозировать успех эмбриотрансфера с точностью, недоступной для традиционных методов гормонального мониторинга [3].

Особое внимание уделяется эпигенетическим факторам. Метилирование ДНК и модификации гистонов играют ключевую роль в регуляции эмбрионального развития. Сперматозоиды быков-производителей несут не только гаплоидный набор хромосом, но и «эпигенетическую память», влияющую на развитие зиготы. Анализ метилома спермы методами глубокого обучения позволяет прогнозировать оплодотворяющую способность быков значительно точнее, чем стандартная спермограмма. ИИ способен выявлять паттерны метилирования в промоторных областях генов, ответственных за ранний эмбриогенез, классифицируя быков на высо-

ко- и низкофертильных даже при идентичных показателях подвижности и морфологии спермиев.

Интеграция гетерогенных данных требует применения продвинутых архитектур нейронных сетей, таких как мультимодальные автоэнкодеры или графовые нейронные сети. Эти модели обучаются находить скрытые взаимосвязи между различными уровнями биологической информации, строя целостную картину физиологии репродукции. Например, модель может связать конкретный SNP-маркер с изменением экспрессии гена рецептора прогестерона, что, в свою очередь, коррелирует с пониженным уровнем определенного метаболита в молоке и удлинением сервис-периода. Такой системный подход позволяет не только предсказывать фенотип, но и предлагать персонализированные стратегии менеджмента: корректировку рациона, гормональную терапию или выбор оптимального времени осеменения для конкретного животного [4].

Кроме того, предиктивная аналитика на основе машинного обучения открывает возможности для ранней выбраковки телок с низким репродуктивным потенциалом еще до первого осеменения. Комбинируя геномную оценку с данными о развитии репродуктивных органов (полученными, например, с помощью УЗИ и проанализированными компьютерным зрением) и метаболическим профилем крови, можно с высокой точностью идентифицировать животных, склонных к кистозу яичников или ранней эмбриональной смертности. Это позволяет существенно экономить ресурсы на выращивание ремонтного молодняка [5].

Однако внедрение мультиомных технологий в практику сдерживается высокой стоимостью анализов и сложностью биоинформатической обработки. Решением может стать стратегия «открытия биомаркеров»: использование дорогих омиксных технологий на этапе исследований для поиска ключевых молекул-индикаторов, а затем разработка дешевых целевых тестов для рутинного использования на фермах. Искусственный интеллект играет здесь решающую роль, позволяя из тысяч кандидатов отобрать минимальный набор маркеров, обеспечивающий максимальную диагностическую ценность [6].

Таким образом, переход к системной биологии репродукции,

поддержанный мощью искусственного интеллекта, позволяет преодолеть «потолок» эффективности традиционной селекции. Мы движемся к эре прецизионного воспроизводства, где решения о спаривании и лечении принимаются не на основе усредненных норм, а на основе глубокого понимания индивидуальной молекулярной физиологии каждого животного. Это путь к созданию сбалансированных стад, сочетающих высокую продуктивность с отличной плодовитостью и долголетием.

### **Информационные источники**

1. 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. – DOI 10.1016/j.jafr.2024.101172.

2. Врезубова Н.А. Использование технологий Интернета вещей в аграрной сфере / Н.А. Врезубова, О.А. Яковлева, А.Р. Савонкина // Современная наука: актуальные проблемы теории и практики. Серия: Экономика и право. – 2025. – № 8. – С. 20–24.

3. Влияние иммуностимулирующих препаратов на уровень иммунной компетенции телят / В.Г. Тюрин, Н.В. Родионова, Л.А. Волкова [и др.] // Ученые записки учреждения образования Витебская ордена Знак почета государственная академия ветеринарной медицины. – 2023. – Т. 59, №2. – С. 137–146. – DOI 10.52368/2078-0109-2023-59-2-137-146.

4. Кочиш И.И. Мясная продуктивность сельскохозяйственной птицы Беларуси при профилактике микотоксикозов цеолитсодержащими кормовыми добавками / И.И. Кочиш, Е.А. Капитонова // Ветеринария и кормление. – 2021. – №5. – С. 38–41. – DOI 10.30917/ATT-VK-1814-9588-2021-5-10.

5. Кочиш И.И. Оптимизация минерального питания: влияние микроэлементов на жизненный тонус сельскохозяйственных птиц / И.И. Кочиш, Е.А. Капитонова, Н.А. Врезубова // Ученые записки учреждения образования Витебская ордена Знак почета государственная академия ветеринарной медицины. – 2025. – Т. 61, № 4. – С. 51–55. – DOI 10.52368/2078-0109-2025-61-4-51-55.

6. Яковлева О.А. Цифровая трансформация животноводства: от

автоматизации процессов к предиктивной аналитике / О.А. Яковлева, И.Н. Вerezубова // 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. 847–849.