

УДК 575:004.8:331

DOI: <https://doi.org/10.31073/abg.67.09>

## ВИКОРИСТАННЯ ШТУЧНОГО ІНТЕЛЕКТУ ДЛЯ ОПТИМІЗАЦІЇ ГЕНЕТИЧНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ

**І. К. ЛЯДСЬКИЙ***Полтавський державний аграрний університет (Полтава, Україна)**<https://orcid.org/0000-0001-6431-973X> – І. К. Лядський**[lyadskiy.igor@pdau.edu.ua](mailto:lyadskiy.igor@pdau.edu.ua)*

*Мета статті полягає у аналізі основних досягнень та перспектив впровадження штучного інтелекту в генетику, підвищення ефективності досліджень та достовірності отриманих результатів. Проведено аналіз публікацій, що розкривають напрямки інтеграції нейромереж у ДНК-дактилоскопію, зокрема ПЛР-ПДРФ аналіз, секвенування, FISH-діагностику тощо, підвищуючи чутливість цих технологій та зменшуючи вартість досліджень. Окремо розглянуто технології обробки величезних масивів даних Big Data та їх ефективність на прикладі міжнародних проєктів з теоретичної та прикладної генетики. Приділено увагу штучному інтелекту в геноміці, протеоміці та генній інженерії, зокрема оптимізації методів GED (редагування геному) на основі CRISPR (короткі паліндромні повтори, регулярно розташовані групами) з метою досягнення кращої точності редагування геному. Важливе значення нейромережі мають у створенні направляючих РНК (gRNA) для систем CRISPR-Cas, які визначають напрям функціонування ендонуклеази.*

*Крім спеціалізованих застосунків та ресурсів, штучний інтелект в цілому покращує дослідницьку роботу, оптимізуючи багато процесів, що раніше займали чимало часу та зусиль. Наведено приклади програм, які засновані на нейромережах та широко використовуються науковою спільнотою.*

**Ключові слова:** штучний інтелект, нейромережі, мутації, секвенування, геном, поліморфізм, ДНК-дактилоскопія, CRISPR

## USING ARTIFICIAL INTELLIGENCE TO OPTIMIZE GENETIC RESEARCH

**I. K. Liadskyi***Poltava State Agrarian University (Poltava, Ukraine)*

*The purpose of the article is to analyse the main achievements and prospects for the introduction of artificial intelligence in genetics, to improve the efficiency of research and the reliability of the results obtained. The article analyses publications that reveal the areas of integration of neural networks into DNA fingerprinting, in particular PCR-PCR analysis, sequencing, FISH diagnostics, etc., increasing the sensitivity of these technologies and reducing the cost of research. The author also discusses technologies for processing huge data sets of Big Data and their effectiveness on the example of international projects in theoretical and applied genetics. Attention is paid to artificial intelligence in genomics, proteomics and genetic engineering, in particular, optimisation of GED (genome editing) methods based on CRISPR (short palindromic repeats regularly interspaced in groups) to achieve better accuracy of genome editing. Neural networks are important in creating guide RNAs (gRNAs) for CRISPR-Cas systems, which determine the direction of endonuclease function.*

*In addition to specialised applications and resources, artificial intelligence generally improves research work by optimising many processes that used to take a lot of time and effort. Examples of neural network-based applications that are widely used by the scientific community are presented.*

**Keywords: artificial intelligence, neural networks, mutations, sequencing, genome, polymorphism, DNA fingerprinting, CRISPR**

**Вступ.** Сучасні технології активно проникають в усі аспекти людської діяльності, допомагаючи в оптимізації побутових справ та професійних завдань. Не виключення біологія, медицина та сільськогосподарська наука, які активно впроваджують найрізноманітніші інновації. Мейнстрім сучасності – нейромережі, які мають перевагу перед людським розумом у питаннях аналізу величезних масивів даних, що узагальнено можна назвати Big Data (Misra, 2022). Штучний інтелект неодноразово доводив свою ефективність у політології (Gemenis, 2024), маркетингу (Chintalapati, 2022) та економіці (Ruiz-Real, 2021). З урахуванням складності об'єкта генетичних досліджень, доречно застосовувати можливості нейромереж для вивчення геному, оцінки розповсюдження різних алелів, мікросателітів тощо, моделювання процесів мікросвіту, прогнозування впливів різних ветеринарних або лікарських препаратів, хімічних сполук та біологічних агентів, передбачення ефектів генетичних маніпуляцій.

Важливість генетичних досліджень у сучасному світі підтверджена тим фактом, що численні потужні бренди активно долучаються до цієї галузі знань. Наприклад, фахівці підрозділу компанії Google DeepMind створили програму AlphaMissense на базі штучного інтелекту, яка визначає безпечність мутацій (Cheng, 2023). Цей інструмент обіцяє справжній прорив у медицині, проте може бути корисним для сільського господарства, допомагаючи вираховувати потенційно небезпечні мутації геному свійських тварин. Хоча ефективність технології секвенування ДНК значно зросла, можливість інтерпретувати ефекти від мутацій залишається обмеженою. Ця проблема є особливо відчутною для місенс-варіантів, які пов'язані з заміною одного амінокислотного залишку та складають переважну більшість «варіантів невизначеної значущості» (variant of unknown significance). VUS – це виявлений під час тестування генетичний варіант, який важко визначити як безпечний чи шкідливий. Алгоритм машинного навчання AlphaMissense, який базується на методології AlphaFold для прогнозування білкових структур на основі послідовностей генів, демонструє чудову продуктивність у багатьох контрольних тестах (Jumper, 2021). На думку дослідників, ця технологія значно покращить інтерпретацію даних секвенування та підвищить ефективність прогнозування ефектів від генетичних мутацій (Marsh, 2023). Розглянемо основні переваги та досягнення від впровадження штучного інтелекту в генетичні дослідження, зокрема у тваринництві.

**Матеріали та методи дослідження.** Методи дослідження – загальнонаукові (аналіз, синтез), міждисциплінарні, порівняльні, бібліографічні та пошукові. Використано оглядову та спеціалізовану наукову літературу, присвячену штучному інтелекту, нейромережам та їх значенню для генетики. Джерельна база дослідження охоплює широке коло матеріалів, основу яких складають результати досліджень закордонних науковців – експертів галузі штучного інтелекту, молекулярної біології, протеоміки та генетики.

**Результати дослідження.** Експериментальна частина генетики пов'язана з необхідністю оперувати величезним масивом даних, опрацювання яких займає значний проміжок часу дослідників. Наприклад, всесвітньовідомий проект «Геном людини», що розпочався у 1990 році, приніс перші відчутні результати лише через десятиріччя. Подальший аналіз та секвенування генетичного матеріалу продовжувалися до початку 2022 року (Gibbs, 2020). Стільки років пішло на те, щоб проаналізувати надскладну структуру, що складається з понад 3-х мільярдів пар основ, об'єднаних у понад 22 тисячі генів (Piovesan, 2019). Величезні дані, отримані в рамках проекту, допомогли науковцям краще зрозуміти архітектуру людського геному але це лише початок роботи. Дослідники збирають дані про геноми мільйонів людей, поєднуючи свої знання задля кращого розуміння природи генетичних процесів. Зрозуміти об'єми інформації, про які йде мова, допоможе наступна теза – дані одного дослідженого геному людини становлять близько 200 гігабайт (Kovalevskaya, 2016). Методи Big Data широко входять у молекулярну генетику, дозволяючи накопичувати, зберігати, аналізувати

та використовувати терабайти інформації, зібраної дослідниками з різних країн (Hassan, 2022). У визначення «великих даних» входять різні параметри, а саме візуалізація, віральність, мінливість, обсяг, правдивість, швидкість, різноманітність, цінність, які описують величезний обсяг структурованих, напівструктурованих і неструктурованих даних (рис. 1).

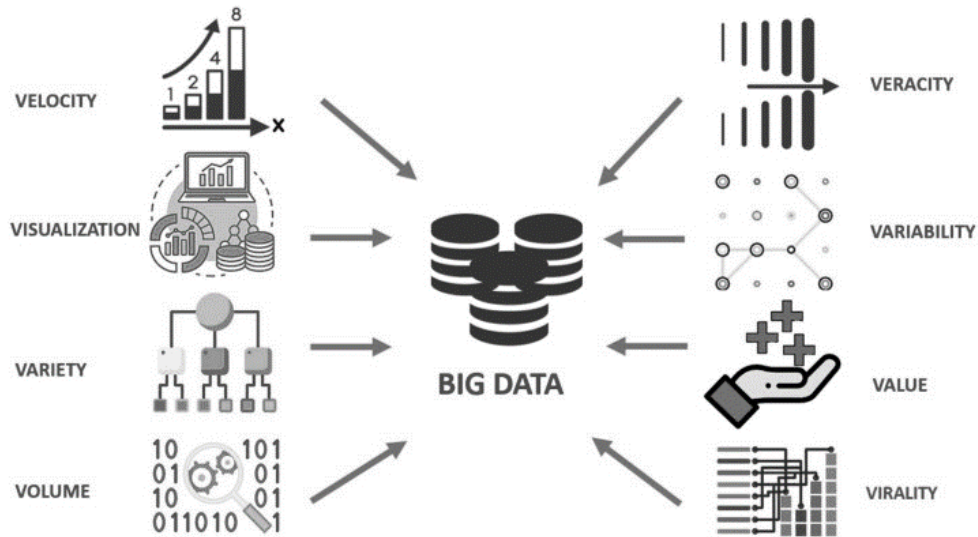


Рис. 1. Характеристики Big Data, що мають практичне значення для генетики  
*Джерело: публікація Мубашира Хассана зі співавторами (Hassan, 2022)*

Використання нейромереж для оцінки послідовностей дозволить скоротити цей часовий проміжок у тисячі разів. Сучасні ІТ-технології дозволяють секвенувати повний геном людини лише за 5 годин (Gomes, 2023). Розмір геному основних сільськогосподарських тварин не поступається людському, наприклад у свині він складається приблизно з 2,8 мільярдів пар основ (Warr, 2020). Впровадження технології штучного інтелекту для покращення молекулярно-генетичних досліджень у аграрному секторі має не менші перспективи, ніж аналогічна робота у медицині чи теоретичній біології.

Штучний інтелект – це галузь прикладної науки, яка зосереджена на створенні систем, здатних виконувати завдання, які зазвичай потребують людського втручання. Штучний інтелект, зокрема технології машинного та глибокого навчання, стали трансформаційною силою, революціонізувавши майже усі наукові течії. Основні переваги від впровадження штучного інтелекту в процес секвенування геному: скорочення часу і грошових витрат, зменшення числа помилок аналізу, підвищення точності секвенування, швидкість й правильність визначення генетичних варіацій, отримання уявлень про генетичні варіанти на популяційному рівні, поєднання молекулярно-генетичних даних з інформацією про довкілля, особливості утримання та іншими перемінними, щоб отримати загальну картину зовнішніх та внутрішніх чинників, що впливають на продуктивність тварин (Vilhekar, 2024).

Інша галузь, що отримує значну користь від впровадження технології штучного інтелекту – протеоміка або наука про білки, що доповнює геноміку кращим розумінням складу та функціонування організму (Al-Amrani, 2021). Протеом – основний продукт експресії генів, завдяки якому проявляється спадкова інформація. Його значення для медицини чи сільського господарства важко переоцінити.

Нейромережі ефективні у дослідженнях, що спрямовані на визначення впливу геному та довкілля на формування протеому живих організмів (Mann, 2021), класифікації послідовностей ДНК відповідно до їх таксономії, що допомагає виявити вірусні агенти (Hossain, 2023).

Інноваційний напрям використання нейромереж, зокрема в галузі охорони здоров'я та ветеринарії – зрозумілий або пояснений штучний інтелект (ХАІ), який розроблено для покращення розуміння та відповідного підсилення довіри дослідників до моделей штучного інтелекту (Longo, 2023). Впровадження ХАІ у генетичні дослідження допоможе безпомилково опрацьовувати велику кількість генетичних даних, без сумнівів з боку науковців стосовно достовірності отриманих результатів (Maqsood, 2024).

Нейромережі навчено ідентифікувати сигнатури, диференціюючи зображення на категорії (Parkhi, 2015). Штучний інтелект зробив справжню революцію в проблемах класифікації зображень, зокрема отриманих на спектрофотометрі чи подібних приладах, що дозволяє вірно визначати різні алельні стани. Підвищується ефективність ДНК-дактилоскопії, зокрема ПЛР-ПДРФ аналізу, секвенування, FISH-діагностики тощо, підсилюючи чутливість цих технологій та зменшуючи вартість досліджень.

Окрім генної дактилоскопії та секвенування, не менше значення нейромереж для генної інженерії (Nielsen, 2018). З появою та стрімким розвитком синтетичної біології відбувся справжній прорив у інструментах для конструювання клітин. Це спонукало науковців зосередити увагу на можливостях дизайну масштабних генетичних систем. Створення синтетичної клітини для виробництва певного продукту, зокрема фармацевтичного препарату, передбачає здійснення масових змін у геномі (Meadows, 2016). Для цього необхідно достовірно визначити усі послідовності нуклеотидів, зрозуміти надскладну систему взаємозв'язків у генетичному матеріалі, епігенетичні ефекти, прогнозувати вплив генетичних змін на ефективність усієї системи. За допомогою машинного навчання можна прогнозувати можливі мутаційні траєкторії після введення точкових мутацій у ДНК. Технологія редагування геному (GED) на основі коротких паліндромних повторів, регулярно розташованих групами (CRISPR) здійснила справжню революцію в генній інженерії, завдяки своїй універсальності, ефективності та простоті використання (Dixit, 2024). Цей метод також отримує значні переваги від впровадження штучного інтелекту, оскільки він допомагає досягати кращої точності редагування геному. Перспективний напрямок полягає у створенні gRNA для систем CRISPR-Cas, що успішно виконують такі обчислювальні платформи як CRISTA (Abadi, 2017), DeepCRISPR (Chuai, 2018) та DeepHF (Wang, 2019). Вони допомагають передбачити оптимальні конфігурації РНК цільових послідовностей. Штучний інтелект може враховувати десятки факторів, зокрема мутації, тип білка Cas (рис. 2.), геномний контекст, потенційний вплив редагування геному на фенотип клітини тощо.

Систему CRISPR-Cas можна використовувати для усунення шкідливих мутацій, видалення дефектних фрагментів ДНК, введення нових генів, створення синтетичних клітин, стійких до вірусних інфекцій (Liu, 2020). Кожне з перерахованих завдань вкрай складне та вимагає аналізу величезних масивів даних, що містять інформацію про послідовності нуклеотидів. Це підкреслює важливість нейромереж для прийняття відповідних рішень. Штучний інтелект на практиці довів свою ефективність у експериментах зі створення безпечних продуктів харчування (Nayak, 2023). Дослідники припустили, що високотехнологічний супровід CRISPR сприятиме покращенню харчової промисловості. Нейромережі можуть забезпечити глобальну безпеку харчових продуктів, що обумовить формування здорового середовища (рис. 3.), вирішуючи одне з найважливіших завдань людства.

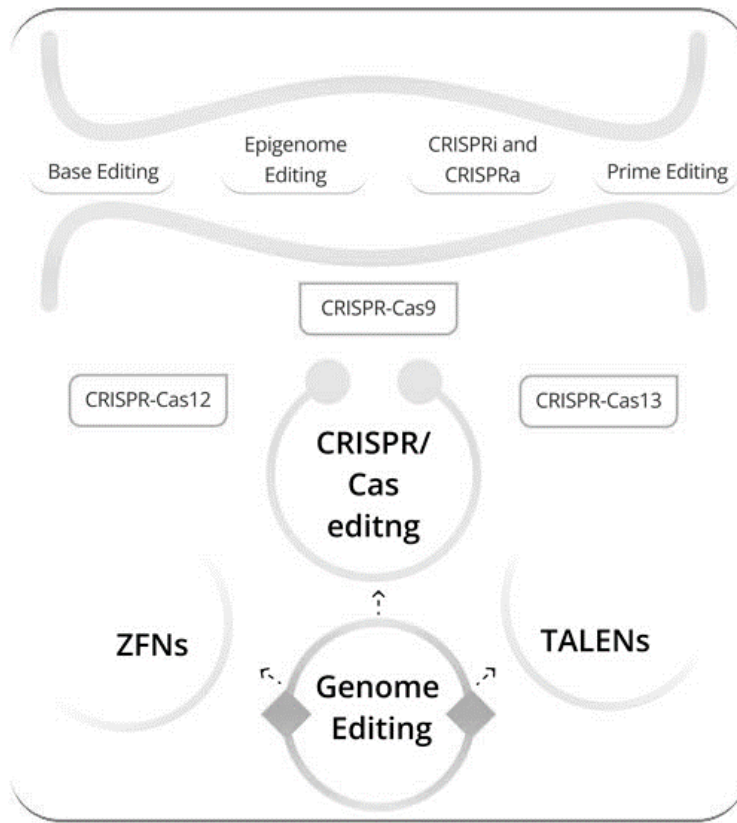


Рис. 2. Різновиди CRISPR, що охоплюють ендонуклеази Cas9, Cas12 та Cas13.  
 Джерело: публікація Shriniket Dixit зі співавторами (Dixit, 2024)

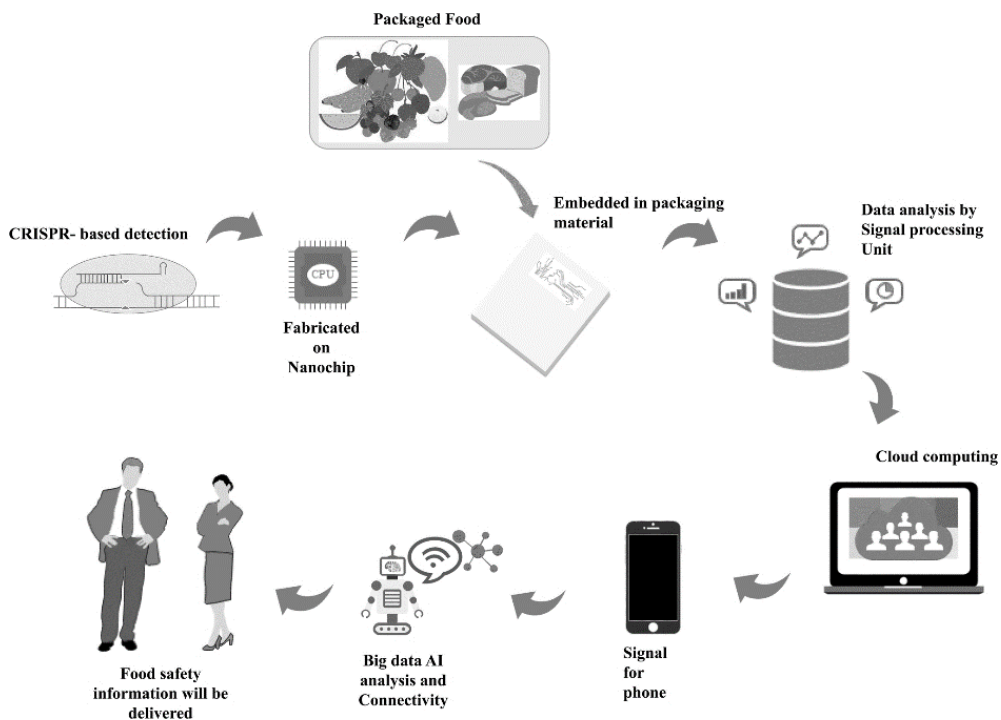


Рис. 3. Поєднання технології штучного інтелекту та CRISPR для створення якісних продуктів харчування та безпечного середовища для людини.  
 Джерело: публікація Anamika Nayak та Debjani Dutta (Nayak, 2023).

Штучний інтелект в цілому покращує дослідницьку роботу, оптимізуючи багато процесів, що раніше займали чимало часу та зусиль. Зокрема сайт Deep1 значно полегшує опрацю-

вання іншомовних публікацій та спілкування з колегами з інших країн (Poláková, 2023). Пошукова система Open knowledge maps (Kraker, 2016) надає швидкий пошук та кластеризацію необхідних літературних джерел, формуючи їх перелік за певними категоріями, від оглядових до тематичних блоків (рис. 4).

Наведені приклади не претендують на повноту та всеохопність у розкритті теми взаємозв'язків штучного інтелекту та генетики, проте вони окреслюють основні напрями консолідації та надають потужний поштовх до подальшого вивчення цієї теми, моніторингу здобутків та прогнозування майбутніх перспектив.

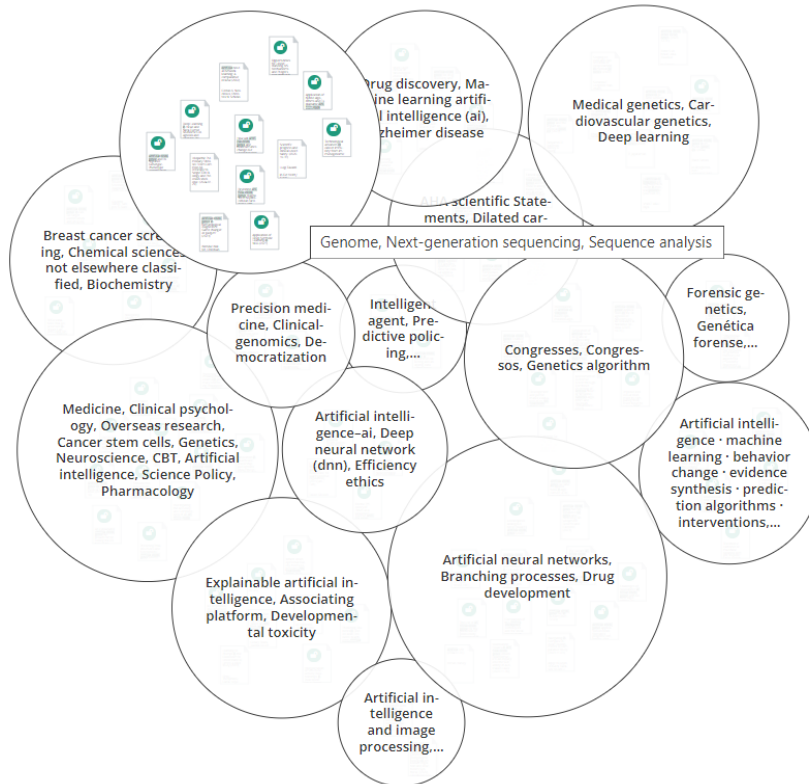


Рис. 4. Кластери статей, генеровані ШІ на запит «Artificial Intelligence in Genetics» з використанням пошукової системи Open knowledge maps.

Джерело: власна розробка автора

**Висновки.** Інтеграція штучного інтелекту до молекулярно-генетичних досліджень відкриває нові можливості для сільського господарства, ветеринарії, біомедицини та охорони здоров'я. Коли справа доходить до редагування генів, моделі штучного інтелекту відіграють ключову роль у розшифровці складної генетичної інформації, ідентифікації закономірностей і прогнозуванні потенційних результатів, що має потужний вплив на розвиток науки, покращуючи інструментарій досліджень та збагачуючи скарбницю знань.

## REFERENCES

- Abadi, S., Yan, W. X., Amar, D., & Mayrose, I. (2017). A machine learning approach for predicting CRISPR-Cas9 cleavage efficiencies and patterns underlying its mechanism of action. *PLoS Comput Biol.*, 13 (10). e1005807. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1005807>
- Al-Amrani, S., Al-Jabri, Z., Al-Zaabi, A., Alshekaili, J., & Al-Khabori, M. (2021). Proteomics: Concepts and applications in human medicine. *World J. Biol. Chem.*, 12 (5), 57–69. DOI: 10.4331/wjbc.v12.i5.57
- Cheng, J., Novati, G., Pan, J., Bycroft, C., Žemgulytė, A., Applebaum, T., Pritzel, A., Wong, L. H., Zielinski, M., Sargeant, T., Schneider, R. G., Senior, A. W., Jumper, J., Hassabis, D., Kohli, P.,

- & Avsec, Ž. (2023). Accurate proteome-wide missense variant effect prediction with AlphaMissense. *Science*, 381 (6664):eadg7492. DOI: 10.1126/science.adg7492
- Chintalapati, S., & Pandey, S. K. (2022). Artificial intelligence in marketing: A systematic literature review. *International Journal of Market Research*, 64 (1), 38–68. <https://doi.org/10.1177/14707853211018428>
- Chuai, G., Ma, H., Yan, J., Chen, M., Hong, N., Xue, D., Zhou, C., Zhu, C., Chen, K., Duan, B., Gu, F., Qu, S., Huang, D., Wei, J., & Liu, Q. (2018). DeepCRISPR: optimized CRISPR guide RNA design by deep learning. *Genome Biol.*, 19, 80. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1459-4>
- Dixit, S., Kumar, A., Srinivasan, K., Vincent, PMDR., & Ramu Krishnan, N. (2024). Advancing genome editing with artificial intelligence: opportunities, challenges, and future directions. *Front. Bioeng. Biotechnol.*, 11, 1335901. DOI: 10.3389/fbioe.2023.1335901
- Fortelny, N., & Bock, C. (2020). Knowledge-primed neural networks enable biologically interpretable deep learning on single-cell sequencing data. *Genome Biol.*, 21, 190. <https://doi.org/10.1186/s13059-020-02100-5>
- Gemenis, K. (2024). Artificial intelligence and voting advice applications. *Frontiers in Political Science*, 6, 15. DOI: 10.3389/fpos.2024.1286893
- Gibbs, R. A. (2020). The Human Genome Project changed everything. *Nat. Rev. Genet.*, 21, 575–576. <https://doi.org/10.1038/s41576-020-0275-3>
- Gomes, B., & Ashley, E. A. (2023). Artificial Intelligence in Molecular Medicine. *N. Engl. J. Med.*, 388 (26), 2456–2465. DOI: 10.1056/NEJMra2204787.
- Hassan, M., Awan, F. M., Naz, A., deAndrés-Galiana, E. J., Alvarez, O., Cernea, A., Fernández-Brillet, L., Fernández-Martínez, J. L., & Kloczkowski, A. (2022). Innovations in Genomics and Big Data Analytics for Personalized Medicine and Health Care: A Review. *Int. J. Mol. Sci.*, 23 (9), 4645. DOI: 10.3390/ijms23094645
- Hossain, P. S., Kim, K., Uddin, J., Samad, Md. A., & Choi, K. (2023). Enhancing Taxonomic Categorization of DNA Sequences with Deep Learning: A Multi-Label Approach. *Bioengineering*, 10 (11). <https://doi.org/10.3390/bioengineering10111293>
- Joiret, M., Leclercq, M., Lambrechts, G., Rapino, F., Close, P., Louppe, G., & Geris, L. (2023). Cracking the genetic code with neural networks. *Frontiers in Artificial Intelligence*, 6. DOI: 10.3389/frai.2023.1128153
- Jumper, J., Evans, R., Pritzel, A., Green, T., Figurnov, M., Ronneberger, O., Tunyasuvunakool, K., Bates, R., Žídek, A., Potapenko, A., Bridgland, A., Meyer, C., Kohl, S. A. A., Ballard, A. J., Cowie, A., Romera-Paredes, B., Nikolov, S., Jain, R., Adler, J., Back, T., Petersen, S., Reiman, D., Clancy, E., Zielinski, M., Steinegger, M., Pacholska, M., Berghammer, T., Bodenstein, S., Silver, D., Vinyals, O., Senior, A. W., Kavukcuoglu, K., Kohli, P., & Hassabis, D. (2021). Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. *Nature*, 596, 583–589. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03819-2>
- Kovalevskaya, N. V., Whicher, C., Richardson, T. D., Smith, C., Grajciarova, J., Cardama, X., Moreira, J., Alexa, A., McMurray, A. A., & Nielsen, F. G. (2016). DNAdigest and Repositive: Connecting the World of Genomic Data. *PLoS biology*, 14 (3), e1002418. DOI: 10.1371/journal.pbio.1002418
- Kraker, P., Kittel, C., & Enkhbayar, A. (2016). Open Knowledge Maps: Creating a Visual Interface to the World's Scientific Knowledge Based on Natural Language Processing. *Zeitschrift für Bibliothekskultur*, 4, 98–103. DOI: 10.12685/027.7-4-2-157.
- Liu, Q., Cheng, X., Liu, G. Li, B., & Liu, X. (2020). Deep learning improves the ability of sgRNA off-target propensity prediction. *BMC Bioinformatics*, 21 (1), 51–55. DOI:10.1186/s12859-020-3395-z
- Longo, L., Brcic, M., Cabitza, F., Choi, J., Confalonieri, R., Del Ser, J., Guidotti, R., Hayashi, Y., Herrera F., Holzinger, A., Jiang, R., Khosravi, H., Lecue, F., Malgieri, G., Páez, A., Samek, W., Schneider, J., Speith, T., & Stumpf, S. (2023). Explainable Artificial Intelligence (XAI) 2.0: A

- Manifesto of Open Challenges and Interdisciplinary Research Directions. DOI: 10.48550/arXiv.2310.19775.
- Mann, M., Kumar, C., Zeng, W-F., & Strauss, M. T. (2021). Artificial intelligence for proteomics and biomarker discovery. *Cell Syst.*, 12, 759–770. <https://doi.org/10.1016/j.cels.2021.06.006>
- Maqsood, K., Hagra, H., & Zabet, N. R. (2024). An overview of artificial intelligence in the field of genomics. *Discov Artif Intell.*, 4, 9. <https://doi.org/10.1007/s44163-024-00103-w>
- Marsh, J. A., & Teichmann, S. A. (2023). Predicting pathogenic protein variants. *Science*, 381, 1284–1285. DOI: 10.1126/science.adj8672
- Meadows, A., Hawkins, K., Tsegaye, Y., Antipov, E., Kim, Y., Raetz, L., Dahl, R., Tai, A., Mahatdejkul-Meadows, T., Xu, L., Zhao, L., Dasika, M., Murarka, A., Lenihan, J., Eng, D., Leng, J., Liu, C. L., Wenger, J., Jiang, H., Tsong, A. (2016). Rewriting yeast central carbon metabolism for industrial isoprenoid production. *Nature*, 537 (7622), 694–697. DOI: 10.1038/nature19769.
- Misra, N. N., Dixit, Y., Al-Mallahi, A., Bhullar, M., Upadhyay, R., Martynenko, A. (2022). "IoT, Big Data, and Artificial Intelligence in Agriculture and Food Industry. *IEEE Internet of Things Journal*, 9 (9), 6305–6324. DOI: 10.1109/JIOT.2020.2998584.
- Nayak, A., & Dutta, D. (2023). A comprehensive review on CRISPR and Artificial Intelligence based emerging food packaging technology to ensure “safe food. *Sustainable Food Technology*, 1. DOI: 10.1039/D3FB00059A.
- Nielsen, A., & Voigt, C. (2018). Deep learning to predict the lab-of-origin of engineered DNA. *Nature Communications*, 9. DOI: 10.1038/s41467-018-05378-z.
- Parkhi, O., Vedaldi, A., & Zisserman, A. (2015). Deep face recognition. *BMVC 2015 – Proceedings of the British Machine Vision Conference 2015*, 1–12.
- Piovesan, A., Pelleri, M. C., Antonaros, F., Strippoli, P., Caracausi, M., Vitale, L. (2019). On the length, weight and GC content of the human genome. *BMC Research Notes.*, 12 (1), 106. DOI: 10.1186/s13104-019-4137-z
- Poláková, P. & Klimova, B. (2023). Using DeepL translator in learning English as an applied foreign language – An empirical pilot study. *Heliyon.*, 9. doi: 10.1016/j.heliyon.2023.e18595.
- Ruiz-Real, J. L., Uribe-Toril, J., Torres, J. A., & De Pablo, J. (2021). Artificial intelligence in business and economics research: trends and future. *Journal of Business Economics and Management*, 22 (1), 98–117. <https://doi.org/10.3846/jbem.2020.13641>
- Vilhekar, R. S., & Rawekar, A. (2024). Artificial Intelligence in Genetics. *Cureus*. 16 (1). DOI: 10.7759/cureus.52035.
- Wang, D., Zhang, C., Wang, B., Li, B., Wang, Q., Liu, D., Wang, H., Zhou, Y., Shi, L., Lan, F., Wang, Y. (2019). Optimized CRISPR guide RNA design for two high-fidelity Cas9 variants by deep learning. *Nature Communications*, 10. DOI: 10.1038/s41467-019-12281-8.
- Warr, A., Affara, N., Aken, B., Beiki, H., Bickhart, D., Billis, K., Chow, W., Eory, L., Finlayson, H., Flicek, P., Girón, C., Griffin, D., Hall, R., Hannum, G., Hourlier, T., Howe, K., Hume, D., Izuogu, O., Kim, K., Archibald, A. (2020). An improved pig reference genome sequence to enable pig genetics and genomics research. *GigaScience*, 9 (6). <https://doi.org/10.1093/gigascience/giaa051>

---

Одержано редколегією 07.05.24 р.

Прийнято до друку 25.06.24 р.