

ОТЗЫВ

на автореферат диссертационной работы Сибгатулловой Адыли Камилевны «Анализ генетических маркёров изменчивости изолятов вируса африканской чумы свиней, выделенных в Российской Федерации», представленной на соискание ученой степени кандидата ветеринарных наук по специальности 4.2.3 «Инфекционные болезни и иммунология животных»

Тема диссертации является актуальной, т.к. африканская чума свиней (АЧС) до настоящего времени является трудно контролируемой и наиболее значимой вирусной болезнью домашних и диких свиней. Многими исследователями показано, что вирус АЧС обладает различными механизмами уклонения от иммунной системы хозяина, что является основным препятствием для создания средств профилактики и защиты от этой болезни. А поскольку не существует эффективной вакцины, АЧС остаётся глобальной угрозой для всех стран.

Изучение генетического разнообразия изолятов вируса АЧС, молекулярных механизмов проявления патогенных свойств, генетической изменчивости вируса на сегодняшний день является одной из важнейших задач, поэтому поставленная цель исследований – получение молекулярно-генетических характеристик изолятов вируса африканской чумы свиней, циркулирующих на территории РФ, является актуальной и выполнена полностью.

Автором было проведено секвенирование маркерных участков генома (B602L, EP402R, 173R/1329L, MGF110, MGF505) изолятов вируса АЧС, циркулировавших на территории РФ с 2008 по 2019 гг.; оценка возможности использования генетических маркёров для отслеживания динамики распространения изолятов вируса АЧС, выделенных на территории РФ; филогенетический анализ изолятов и штаммов вируса АЧС на основе нуклеотидных последовательностей гена B602L и межгенового участка 173R/1329L; анализ пространственно-временного распространения отечественных изолятов вируса АЧС на основании гетерогенности межгенового участка 173R/1329L.

В результате проведённых исследований генетических изменений в генах EP402R и мультигенном свойстве MGF505 автором не обнаружено. Показано, что 12 отечественных изолятов вируса АЧС содержат единичную замену в гене B602L, филогенетический анализ позволил провести предварительное разделение этих изолятов на две группы внутри одного генотипа.

Впервые определены и опубликованы в базе данных «GenBank» фрагменты нуклеотидных последовательностей изолятов «Saratov 20.01.2017» и «Saratov 18.02.2017». Автором проведён анализ пространственно-временного распространения современных отечественных изолятов вируса АЧС на основании гетерогенности межгенового участка 173R/1329L и MGF110.

