

ОТЗЫВ

на автореферат диссертационной работы Зайцева Сергея Сергеевича на тему «Изучение возбудителей абортотенных инфекций сельскохозяйственных животных с применением методов молекулярно-генетического анализа», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 4.2.3. Инфекционные болезни и иммунология животных

Актуальность данной работы не вызывает сомнений, так как глобальной проблемой в сфере животноводства является появление различных патогенов, включая возбудителей оппортунистических инфекций, резистентных к противомикробным средствам, а, в некоторых случаях, и к целым классам препаратов. Приоритетной задачей является контроль за распространением антибиотикорезистентных штаммов, циркулирующих на территории Российской Федерации и совершенствование диагностики инфекционных болезней животных, включая индикацию возбудителей с применением молекулярно-генетических методов с использованием технологий секвенирования нового поколения, которые позволяют получать информацию о первичной нуклеотидной последовательности геномов микроорганизмов, а также отслеживать появление различных генетических изменений (мутации, рекомбинации) во всем геноме, а не только в целевых генах, изучать эволюцию и распространенность патогенных микроорганизмов.

Научная новизна диссертации подтверждается тем, что Зайцевым С.С. получены данные о детальных молекулярно-генетических характеристиках *C. psittaci* Rostinovo-70, АМК-16 и ВЛ-84, выявлен уникальный участок из 20 кодирующих последовательностей (CDS), указывающий на потенциальную гомологичную рекомбинацию с представителями *C. abortus*.

Автором впервые с применением платформ NGS-2 и NGS-3 произведено секвенирование, сборка методом *de novo* и изучение молекулярно-генетических характеристик геномной последовательности потенциального возбудителя инфекционных болезней КРС – штамма *Enterobacter hormaechei subsp. b xiangfangensis* Saratov_2019.

Результаты выполненной соискателем работы вносят значимый вклад в фундаментальные исследования возбудителей, вызывающих инфекционные болезни репродуктивной системы сельскохозяйственных животных, и обладают перспективой их практического использования в экспериментальной биологии, ветеринарии и сельском хозяйстве.

При выполнении диссертационной работы использованы современные высокопроизводительные методы полногеномного секвенирования на основе платформ NGS-2 и NGS-3. Методологической основой для обработки данных послужили современные доступные молекулярно-генетические и биоинформационные методы исследования.

