

## ОТЗЫВ

на автореферат диссертационной работы Зайцева Сергея Сергеевича, выполненной на тему: «Изучение возбудителей abortогенных инфекций сельскохозяйственных животных с применением методов молекулярно-генетического анализа» по специальности 4.2.3 – Инфекционные болезни и иммунология животных, представленной на соискание учёной степени кандидата биологических наук в диссертационный совет 35.2.035.01 на базе ФГБОУ ВО «Саратовский государственный университет генетики, биотехнологии и инженерии имени Н.И. Вавилова»

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. Согласно утвержденной единой «Стратегии предупреждения распространения антимикробной резистентности на период до 2030 года», включая предупреждение и распространения устойчивости микроорганизмов к антибиотикам в здравоохранении, сельском хозяйстве, в том числе животноводстве (Распоряжение Правительства Российской Федерации от 25 сентября 2017г. №2045-р)», контроль за распространением антибиотико-резистентных штаммов, циркулирующих на территории Российской Федерации, является приоритетной задачей. До недавнего времени, основным методом выявления возбудителя ИБ являлось получение «чистой» культуры патогена из биоматериала животного с последующим культивированием микроорганизмов на дифференциально-диагностических средах. Однако указанный имеет ряд существенных ограничений, связанных с выявлением патогенов, таких как хламидии, которые невозможно культивировать на искусственных средах.

Что-бы ликвидировать этот недостаток автором впервые с применением платформ NGS-2 и NGS-3 и с последующей сборкой полно геномных последовательностей методом *de novo* получены данные о детальных молекулярно-генетических характеристиках коллекционных штаммов *S. psittaci* Rostinovo-70, АМК-16 b BL-84 – возбудителей инфекционных abortов, изолированных во время вспышек хламидиоза у сельскохозяйственных животных на территории РФ.

Приоритетные данные об уникальных особенностях указанных штаммов. В том числе, сведения об отсутствии в хромосомах генов резистентности и наличии участка гомологичной рекомбинации с представителями *S. abortus* могут быть использованы при поиске новых диагностических молекулярных маркеров и конструировании эффективных профилактических препаратов нового поколения.

Полученные данные обработаны статистически и их достоверность не вызывает сомнений. Выводы и практические предложения соответствуют



целям работы и основным положениям, выносимым на защиту, логически вытекают из содержания работы.

В процессе изучения автореферата диссертации возникли вопросы, на которые хотелось бы получить разъяснения автора:

1. Как повлияла расшифровка геномов на борьбу с возбудителями инфекционных болезней репродуктивной системы сельскохозяйственных животных?

Заключение: работа выполнена методически правильно, с использованием современных высокопроизводительных методов полногеномного секвенирования на основе платформ NGS-2 и NGS-3, что позволило соискателю выполнить цель и поставленные задачи в работе.

В целом считаю, что диссертационная работа соответствует требованиям п.9-14 «Положения о порядке присуждения учёных степеней», утвержденного Постановлением Правительства Российской Федерации от 24.09.2013г. №842, предъявляемым к кандидатским диссертациям, а её автор Зайцев Сергей Сергеевич заслуживает присвоения учёной степени кандидата биологических наук по специальности: 4.2.3 – Инфекционные болезни и иммунология животных

Здоровинин Владимир Александрович

Доктор ветеринарных наук, профессор  
Заведующий кафедрой «Ветеринария»  
Федеральное государственное бюджетное  
образовательное учреждение высшего образования  
«Пензенский государственный аграрный университет»  
440014, Пензенская область, г. Пенза, ул. Ботаническая 30  
Телефон: +7(841) 262-81-51  
E-mail: zdorovinin.v.a@pgau.ru

28.04.2023 г.



личную подпись *Здоровинина В.А.*  
подтверяю  
начальник управления кадров  
*М*  
Ю.В. Матвеева