

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Котеневой Светланы Владимировны на тему:
«Молекулярно-генетическое типирование вирусов респираторного комплекса крупного рогатого скота и особенности их циркуляции в Сибири», представленной в диссертационный совет 24.1.211.02 на базе Федерального государственного бюджетного учреждения науки Сибирского федерального научного центра агробиотехнологий Российской академии наук (СФНЦА РАН) на соискание ученой степени доктора ветеринарных наук по специальности 4.2.3 - Инфекционные болезни и иммунология животных

Актуальность темы. Респираторные болезни крупного рогатого скота являются одной из наиболее значимых проблем ветеринарной медицины и мирового агропромышленного комплекса. Экономический ущерб обусловлен высокой летальностью, существенным снижением молочной и мясной продуктивности, а также значительными расходами на лечебно-профилактические мероприятия. Особую актуальность приобретают респираторные заболевания при завозе высокопродуктивных животных из других стран. В этиологии экономически значимых инфекций принимают участие многие вирусы, среди которых основная роль принадлежит BoHV-1, BVDV, BRSV, BCoV, BPIV-3, BoHV-4. Вирусные патогены выступают в роли первичных агентов, нарушающих целостность эпителиального барьера дыхательных путей и подавляющих активность альвеолярных макрофагов. Это создает условия для реализации патогенного потенциала условно-патогенной микрофлоры, что резко утяжеляет течение болезни и снижает эффективность антибиотикотерапии. Постоянная эволюция штаммов вирусов и их высокая контагиозность в условиях промышленной концентрации поголовья требуют непрерывного мониторинга для коррекции состава биопрепаратов, разработки актуальных схем специфической профилактики и совершенствования диагностических тест-систем.

Научная новизна работы состоит в разработке тест-систем на основе ПЦР для выявления генома BVDV-3 с электрофоретической детекцией результата, выявления и дифференциации пестивирусов крупного рогатого скота в реальном времени, выявления и количественного определения респираторно-синцитиального вируса КРС в реальном времени, выявления вируса герпеса 4 типа КРС, а также мультиплексной ОТ-ПЦР для одновременного выявления восьми вирусов КРС (BoHV-1, BoHV-4, BVDV-1; BVDV-2, BVDV-3, BRSV, BCoV, BPIV-3). Определена этиологическая структура респираторных болезней крупного рогатого скота в хозяйствах разных категорий.

Впервые проведен комплексный молекулярный анализ изолятов BVDV, определена генетическая структура популяции BVDV у высокопродуктивных животных. Установлена циркуляция широкого спектра генетических вариантов, включающего восемь субтипов BVDV-1 (1a, 1b, 1c, 1d, 1f, 1i, 1p, 1r) с доминированием 1b – 39,6%, три субтипа BVDV-2 (2a, 2b, 2c) и субтип BVDV-3a. Определен высокий патогенный потенциал BVDV-2 и BVDV-3 в развитии системных и репродуктивных поражений.

Изучена генетическая вариабельность штаммов вирусов, циркулирующих среди крупного рогатого скота в хозяйствах Сибири. Установлена принадлежность штаммов BRSV к подгруппам II, III и независимой кладе, штаммов BCoV - к европейской и американо-азиатской линиям, штаммов BoHV-4 – к американской и европейской линиям.

Результаты проведенных исследований позволили депонировать в базу GenBank нуклеотидные последовательности штаммов BRSV и BCoV, циркулирующих на территории Сибири.

Научная новизна подтверждена пятью патентами РФ.

Теоретическая и практическая значимость. Автором выполнен большой объем исследований, который очень важен для науки и практики. Полученные результаты экспериментальных исследований явились основой для разработки технических условий и инструкций на пять тест-систем для выявления вирусов респираторного комплекса крупного рогатого скота методом ПЦР. Автором подготовлено два методических пособия, в которых представлена информация об основных вирусно-бактериальных инфекциях крупного рогатого скота, представлены методы их диагностики.

Полученные данные углубляют научные представления об этиологии массовых респираторных заболеваний крупного рогатого скота вирусной природы. Результаты исследования формируют теоретическую базу для изучения патогенеза и механизмов развития микст-инфекций, что позволяет оптимизировать лечебно-профилактические стратегии в условиях промышленного животноводства.

Анализ молекулярно-генетического полиморфизма вирусных изолятов важен для разработки вакцинных препаратов, обладающих широким спектром протективной активности в условиях циркуляции гетерологичных штаммов.

Степень достоверности и апробация работы. Степень достоверности подтверждается проведением исследований на сертифицированном современном оборудовании, статистически значимым количеством исследований в лабораторных, экспериментальных и научно-производственных условиях. Основные положения диссертационной работы доложены и обсуждены на международных и всероссийских научных конференциях.

По материалам диссертации опубликовано 54 научные работы, в том числе 20 статей в рецензируемых журналах, рекомендованных ВАК Минобрнауки РФ.

Работа выполнена методически правильно, с использованием современных методов, иллюстрирована рисунками и таблицами. Выводы согласуются с содержанием автореферата.

Заключение.

Диссертационная работа Котеневой Светланы Владимировны на тему «Молекулярно-генетическое типирование вирусов респираторного комплекса

