

О Т З Ы В

на автореферат диссертации Бабошко Дмитрия Алексеевича на тему: «Встречаемость и молекулярно-генетическое разнообразие вируса лейкоза крупного рогатого скота в Республике Дагестан и Новосибирской области», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.10 – вирусология

Актуальность темы исследования. Энзоотический лейкоз крупного рогатого скота уже длительное время занимает первое место среди причин выбраковки и смертности поголовья в Российской Федерации, а отсутствие единой актуальной картины циркуляции вируса лейкоза крупного рогатого скота (ВЛКРС) по регионам страны существенно затрудняет планирование противоэпизоотических мероприятий на уровне субъектов. Диссертационная работа Д.А. Бабошко напрямую отвечает на этот запрос практической эпизоотологии, представляя развёрнутую картину пораженности и генетической структуры популяции ВЛКРС сразу в двух регионах с принципиально разной организацией животноводства.

Основным направлением исследований Бабошко Д.А. является изучение встречаемости, разнообразия и биологии ВЛКРС на территории Российской Федерации, результаты которого легли в основу его диссертационной работы.

Степень научной новизны. Комплексное молекулярно-генетическое исследование, проведённое в период с 2020 по 2025 г., позволило получить новые данные о генетическом разнообразии ВЛКРС, циркулирующего на территориях Новосибирской области и Республики Дагестан. Установлено доминирование генотипа G4 при значительном вкладе генотипа G7 в структуру популяции вируса среди молочного скота, а также выявлено их неравномерное географическое распределение по хозяйствам регионов. В международную базу данных GenBank депонировано 417 новых последовательностей env ВЛКРС, что вдвое расширило объём депонированных российских последовательностей.

Впервые на основании анализа 547 нуклеотидных последовательностей гена env-grp51 ВЛКРС, выделенных от инфицированных животных Новосибирской области и Республики Дагестан, проведено филогенетическое исследование популяции вируса и описаны внутригенотипические филогенетические связи генотипов вируса G4 и G7. Впервые с использованием методов Maximum Likelihood, Median Joining Network и SplitNetwork проанализированы 154 полногеномные последовательности ВЛКРС, что позволило получить новые знания о встречаемости ВЛКРС в России.

Впервые на основании анализа полных геномов охарактеризованы мутации во всех основных генах вируса (gag, pro, pol, env, tax/reg, R3, G4) и функционально аннотированы мутации, специфичные для генотипов G4 и G7, в том числе в рецептор-связывающем домене (RBD), нейтрализующих детерминантах (ND1–ND3), эпитопах CD4⁺ и CD8⁺ Т-клеток гликопротеина gp51, домене активации белка Tax (LAD), а также в областях R3/G4 рамки считывания рХ. Впервые проведено сравнительное определение провирусной нагрузки (PVL) ВЛКРС генотипов G4 и G7 в различных возрастных группах КРС на территории РФ, установлена достоверно более высокая провирусная нагрузка у животных, инфицированных генотипом G4, по сравнению с инфицированными генотипом G7.

Значимость для науки и практики полученных результатов. Работа имеет теоретическую и практическую значимость. Результаты, полученные в ходе выполнения настоящего исследования, существенно дополняют имеющуюся информацию о

молекулярно-генетических особенностях вируса лейкоза на территориях Российской Федерации и расширяют представления мирового научного сообщества о генетическом разнообразии ВЛКРС генотипов G4 и G7, включая их мутационные профили, рекомбинационный потенциал и различия в уровне провирусной нагрузки.

Практическую значимость для региональных ветеринарных служб представляет выявленное автором несовпадение результатов диагностики методами ПЦР и ИФА у молодняка (13,6% против 24,8% соответственно), объясняемое присутствием колостральных антител. Данный результат имеет прямое прикладное значение для корректировки протоколов диагностики телят в хозяйствах региона и предотвращения необоснованной выбраковки серопозитивных, но неинфицированных животных.

Также заслуживает внимания выявленный автором факт заноса вируса при межрегиональных перемещениях племенного скота, зафиксированный по данным филогенетического анализа образцов из Республики Дагестан, филогенетически близких штаммам из Казахстана и Ростовской области. Этот вывод подчёркивает важность генетического мониторинга ввозимого поголовья и может быть использован государственной ветеринарной службой при формировании требований к ввозу и перемещению крупного рогатого скота между субъектами Российской Федерации.

Степень обоснованности научных положений, выводов, предложений, представленных в работе, сомнений не вызывает. По материалам диссертации опубликовано 16 научных публикаций, в том числе 3 статьи в изданиях, рекомендованных ВАК Министерства образования и науки Российской Федерации, 2 статьи в других рецензируемых журналах, а также в материалах научно-практических конференций – 11.

Сформулированные в работе выводы логически вытекают из результатов проведенного исследования и научно обоснованы.

Считаем, что представленная работа соответствует требованиям, установленным пункту 9 Положения о присуждении ученых степеней и присвоения ученых званий, предъявляемым к кандидатским диссертациям, а ее автор Бабошко Дмитрий Алексеевич, заслуживает присуждения ему искомой ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.10 – вирусология.

Отзыв составил:

Кандидат ветеринарных наук, ведущий научный сотрудник лаборатории инфекционной патологии сельскохозяйственных животных

Прикаспийского зонального научно-исследовательского ветеринарного института - филиал федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный аграрный научный центр Республики Дагестан», 367000, Республика Дагестан, г Махачкала, ул Дахадаева, 88.

E-mail: mikail.mikailov1981@mail.ru

/ **Микайлов Микаил Муслимович** /

24.09.2026 г.

Подпись Микаилова Микаила Муслимовича заверяю:

Начальник отдела кадров: Курбанов

