

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Красникова Никиты Юрьевича «РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РОТАВИРУСОВ СВИНЕЙ В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ»,

представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальностям 4.2.3. Инфекционные болезни и иммунология животных
1.5.10. Вирусология

Ротавирусная инфекция является одной из ведущих причин острой диареи у поросят и наносит значительный экономический ущерб свиноводческой отрасли во всем мире. В последние годы наблюдается тенденция к глобальному росту распространенности ротавируса свиней. Ситуация осложняется частыми коинфекциями с другими возбудителями, а также возрастающей генетической вариабельностью вируса и появлением новых рекомбинантных штаммов. Такая изменчивость может усиливать вирулентность и способность патогена уклоняться от иммунитета, что ставит под угрозу эффективность существующих вакцин и стратегий иммунопрофилактики. Особенно актуальна эта проблема для регионов с высоким уровнем заболеваемости, где требуется углубленное изучение генетических характеристик циркулирующих изолятов. Мониторинг эпизоотической ситуации, выделение новых штаммов и анализ их геномов являются критически важными для разработки актуальных средств специфической профилактики и контроля распространения инфекции. Вышесказанное определяет безусловную актуальность темы исследования Н.Ю. Красникова, посвященного изучению распространенности и молекулярно-генетических характеристик ротавирусов свиней на территории России.

Автором были получены новые данные о циркуляции в стадах свиней в условиях крупных промышленных свинокомплексов в России в период с 2023 по 2025 гг. Всего было проанализировано 774 ректальных образца от домашних свиней с различным клиническим статусом из 22 крупных промышленных свиноводческих хозяйств из 11 регионов России. Показана циркуляция ротавирусов видов А, В, С в популяции домашних свиней, и впервые в России было проведено G/P-генотипирование изолятов ротавирусов А и С. Методом нанопорового секвенирования определены нуклеотидные последовательности 7 полных геномов циркулирующих изолятов ротавирусов, изучена их геномная структура, оценены события реассортации, определена филогенетическая связь с представленными в

Вх. № 29
10 марта 2026 г.

базах данных нуклеотидными последовательностями референтных полевых и вакцинных штаммов. Кроме того, впервые была показана циркуляция ротавируса Н в стадах домашних свиней в России, а также выявлен вариант межвидовой рекомбинации с ротавирусом С.

Теоретическая значимость работы связана с получением новых генетических данных о циркулирующих свинных ротавирусах А, В, С и Н. Все полученные нуклеотидные последовательности отдельных генов и полных геномов вирусов были депонированы в международную базу данных *GenBank*. Важно отметить, что результаты работы представляют не только научный интерес, но и имеют важное практическое значение, которое заключается в использовании полученных данных для разработки мер профилактики на свинокомплексах, направленных на контроль циркуляции конкретного вида патогена в стадах. По результатам научного исследования были разработаны методические рекомендации по выявлению и генотипированию ротавирусов А и С свиней методами ПЦР и секвенирования генов, кодирующих белки VP4 и VP7.

Работа выполнена с использованием современных вирусологических, молекулярно-генетических и биоинформатических методов. Результаты подвергнуты необходимой статистической обработке.

Поставленные задачи решены автором полностью. Научные положения и выводы диссертационной работы обоснованы и подтверждены результатами экспериментальных исследований. Выводы логично вытекают из представленных данных.

Основные результаты исследования представлены в 3 статьях, опубликованных в ведущих журналах («*Frontiers in Veterinary Science*», «*Virology Journal*» и «*Ветеринария*»), а также на международных конференциях.

Принципиальных вопросов при ознакомлении с авторефератом не возникло. Однако появились один методический вопрос и одна ремарка. Почему полногеномное секвенирование было проведено только для 7 изолятов, тогда как для большинства изолятов проводили секвенирование отдельных генов методом Сэнгера, и какой из этих методов целесообразно применять для рутинного надзора за ротавирусами свиней? Так как у диссертации две специальности, автору, возможно, следовало бы уделить немного больше внимания изучению связи вирусного генотипа с клиническими проявлениями, если таковые имеются.

Считаю, что диссертационная работа Красникова Никиты Юрьевича «Распространённость и молекулярно-генетическая характеристика

ротавирусов свиней в Российской Федерации» по актуальности выбранной темы, новизне полученных результатов, обоснованности научных выводов, теоретической и практической значимости отвечает требованиям «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации № 842 от 24 сентября 2013 года, предъявляемым к кандидатским диссертациям, а автор, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальностям: «4.2.3 – Инфекционные болезни и иммунология животных» и «1.5.10 – Вирусология».

Директор института
биомедицинских систем и биотехнологий
ФГАОУ ВО «Санкт-Петербургский политехнический
университет Петра Великого»,
д.б.н., профессор РАН

 А.В. Васин

10.03.2026 г



195251, Санкт-Петербург,
ул. Политехническая, д. 29,
Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого
e-mail: vasin_av@spbstu.ru
Моб. тел.: +7(962)715-95-15