

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Гильманова Хамида Халимовича «Генотипирование крупного рогатого скота по генам, определяющим устойчивость к лейкозу, и геноидентификация его этиологического агента», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук, по специальностям 06.02.07 – разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных, 06.02.02 – ветеринарная микробиология, вирусология, эпизоотология, микология с микотоксикологией и иммунологией.

Оценка генотипа племенных животных является основой современной селекционной работы. В настоящее время достижения молекулярной генетики сделали возможным идентифицировать гены, связанные с качественными и количественными признаками крупного рогатого скота. Обнаружение предпочтительных аллельных вариантов таких генов позволяет дополнительно к традиционным методам отбора и подбора животных проводить селекцию с использованием маркеров на уровне ДНК. Наиболее информативными в этом отношении являются ДНК-маркерные системы, а именно тест-системы, основанные на анализе полиморфизма структурных генов, принимающих участие в формировании и функционировании хозяйственно полезных признаков.

Проведенные Х.Х. Гильмановым исследования посвящены оценке полиморфизма генов iNOS и BoLA-DRB3 в их ассоциативной связи с хозяйственно-полезными признаками крупного рогатого скота в контексте научно-методических подходов к генотипированию скота по аллельным вариантам генов, определяющих устойчивость и чувствительность к лейкозу, а также геноидентификации его этиологического агента – вируса бычьего лейкоза. Представленные в автореферате данные со всей полнотой раскрывают цель поставленных исследований, которые проведены по хорошо продуманной схеме при строгом соблюдении методики. Автором установлено, что эпизоотическая ситуация по лейкозу крупного рогатого скота в Республике Татарстан характеризуется как эндемическая, остается по-прежнему напряженной, с определенной тенденцией к усугублению. Генотипическая принадлежность изолятов вируса бычьего лейкоза, циркулирующих в популяциях крупного рогатого скота, представлена четырьмя из десяти известных генотипов ВБЛ – представителями 1-го, 4-го, 7-го и 8-го генотипов возбудителя, идентифицированных ПЦР-ПДРФ-генотипированием и филогенетическим анализом секвенируемых нуклеотидных последовательностей фрагмента env-гена. Усовершенствованная стратегия ПЦР-ПДРФ-генотипирования ВБЛ, согла-

посована с филогенетической классификацией изучаемого возбудителя, позволяет идентифицировать все изученные генотипы вирусного патогена, достоверность которой обоснована, в том числе *in silico* моделированием рестриктограмм и филогенетическим анализом фрагмента env-гена 57 референсных изолятов десяти генотипов ВБЛ, генерирующих 57 генотип-ассоциированных комбинаций ПЦР-ПДРФ-профилей, интерпретация которых диагностически значима.

Выходы обоснованы и не вызывают сомнений. Работа выполнена на высоком уровне, результаты исследований в полной мере раскрывают поставленные перед автором задачи.

В целом, считаю, что работа соответствует требованиям п. 9-14 «Положение о присуждении ученых степеней» и Гильманов Хамид Халимович, защищает присвоения ученой степени кандидата биологических наук по специальностям 06.02.07 – разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных, 06.02.02 – ветеринарная микробиология, вирусология, эпизоотология, микология с микотоксикологией и имmunологией.

Кандидат сельскохозяйственных наук,
доцент кафедры кормления
и разведения с.-х. животных

Юдин
Виталий Маратович

ФГБОУ ВО Ижевская ГСХА
426069, Удмуртская Республика, г. Ижевск,
ул. Студенческая, 11, тел/факс: (3412) 58-99-47
E-mail: info@izhgsha.ru

Подпись заверяю:

Начальник управления по персоналу

ФГБОУ ВО Ижевская ГСХА

С. Курис
18.03.2013

