

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Есьман Анны Сергеевны «Молекулярно-генетический мониторинг вариантов возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19) на основе скрининговых методов типирования», на соискание ученой степени кандидата медицинских наук по специальности 3.2.2. Эпидемиология

Актуальность диссертационного исследования Анны Сергеевны Есьман обусловлена необходимостью совершенствования системы молекулярно-генетического мониторинга SARS-CoV-2 в условиях глобальной пандемии COVID-19. SARS-CoV-2 проявил высокую скорость мутаций, что привело к появлению новых вариантов, таких как Delta и Omicron, которые существенно изменяли эпидемиологическую картину в разных регионах мира, включая Российскую Федерацию. Данные обстоятельства требуют разработки новых подходов для оперативного выявления и дифференцирования новых вариантов, позволяющих своевременно корректировать противоэпидемические меры. С учетом высокой стоимости и трудоемкости методов полногеномного секвенирования возникла необходимость разработки альтернативных методик для широкого применения, в условиях ограниченных ресурсов, особенно в регионах, где доступ к высокотехнологичному оборудованию затруднен. Внедрение скрининговых методов типирования на основе полимеразной цепной реакции в режиме реального времени (ПЦР-РВ) предоставило возможность быстрее и экономичнее проводить диагностику, что существенно повысило оперативность молекулярно-генетического мониторинга данного инфекционного заболевания.

Диссертация Есьман А.С. посвящена созданию и внедрению данных подходов к осуществлению мониторинга возбудителя новой коронавирусной инфекции, что обеспечивает важный вклад в практическую деятельность санитарно-эпидемиологической службы и помогает реагировать на изменяющуюся эпидемиологическую ситуацию. В условиях пандемии новой коронавирусной инфекции (COVID-19), постоянной эволюции вируса и появления новых вариантов,

предложенные автором методы, позволяют своевременно обнаруживать изменения в популяционной структуре вируса, что необходимо для принятия адекватных мер профилактики и борьбы с инфекцией.

Цель диссертационной работы состояла в совершенствовании молекулярно-генетического мониторинга вариантов возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19) путем внедрения в практику метода скринингового типирования.

Научная новизна диссертационной работы Анны Сергеевны Есьман заключается в разработке и внедрении новых лабораторных методик для скринингового типирования вариантов SARS-CoV-2, основанных на выявлении значимых мутаций в геноме вируса, что позволило значительно повысить оперативность молекулярно-генетического мониторинга. В отличие от стандартных методов полногеномного секвенирования, предложенные автором методики обеспечивают высокую точность и диагностическую чувствительность при меньших затратах и сокращенных сроках проведения исследований. Это позволило оперативно выявлять и дифференцировать такие важные для эпидемиологического контроля варианты вируса, как Delta и Omicron, а также сублинии Omicron (BA.1, BA.2, BA.3, BA.4/BA.5), на всей территории Российской Федерации. Одним из ключевых научных достижений исследования является разработка алгоритма молекулярно-генетического мониторинга, основанного на использовании полимеразной цепной реакции в реальном времени (ПЦР-РВ). Этот подход позволил значительно расширить возможности мониторинга за счет включения большего числа лабораторий, что привело к масштабированию системы надзора за вариантами вируса без необходимости использования сложного и дорогостоящего оборудования, применяемого при полногеномном секвенировании. В результате предложенные методики могут быть эффективно использованы для отслеживания циркулирующих вариантов вируса и своевременного принятия противоэпидемических мер.

Теоретическая и практическая значимость работы не вызывает сомнений и замечаний. Теоретическая значимость работы состоит в получении новых данных о распространении и эволюции вариантов SARS-CoV-2 на территории Российской Федерации. Автором проведен подробный анализ динамики заболеваемости новой

коронавирусной инфекции (COVID-19) в период с 2020 по 2022 годы, который выявил закономерности распространения таких ключевых вариантов вируса, как Delta и Omicron, и их сублиний. Работа обогащает научное сообщество знаниями о молекулярно-генетических особенностях различных вариантов вируса и их влиянии на эпидемиологическую ситуацию в стране. Кроме того, разработанные подходы к скрининговому генотипированию могут быть применены для изучения и других вирусных патогенов, что расширяет возможности их будущего использования в молекулярной эпидемиологии. Практическая значимость исследования заключается в создании и внедрении методик, которые позволяют оперативно и с приемлемыми финансовыми затратами выявлять варианты SARS-CoV-2, без необходимости проведения полногеномного секвенирования. Разработанные автором методики скринингового типирования на основе ПЦР-РВ отличаются простотой использования, что делает их доступными для применения в большом числе лабораторий, включая регионы, где высокотехнологичное оборудование недоступно. Эти методы позволяют своевременно выявлять новые варианты вируса и принимать эффективные меры по предупреждению их распространения. Также практическая значимость работы подтверждается тем, что результаты исследования уже нашли свое применение в разработке реагентов для массового типирования вариантов вируса, что позволило реализовать промышленный выпуск более 150 000 диагностических наборов.

Объем собранных материалов позволяет получить значимые результаты и сделать соответствующие выводы. Для расчёта результатов использованы корректно подобранные статистические методы. Исследования соответствуют уровню, предъявляемому к кандидатским диссертациям, и представляет научную ценность в отношении полученных результатов. Автореферат написан логично и отражает основные аспекты диссертационной работы. Диссертация написана по традиционному принципу и изложена на 172 страницах.

Заключение

Автореферат отражает положения диссертационной работы, выводы обоснованы и соответствуют цели и задачам. Диссертация Есьман Анны Сергеевны

«Молекулярно-генетический мониторинг вариантов возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19) на основе скрининговых методов типирования» представленную на соискание ученой степени кандидата медицинских наук по специальности 3.2.2. Эпидемиология является завершённой научно-квалификационной работой, которая содержит решение актуальной научной задачи: совершенствования молекулярно-генетического мониторинга вариантов возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19) путем внедрения в практику метода скринингового типирования. Полученные результаты вносят существенный вклад в теорию и практику эпидемиологии, по актуальности, новизне, объёму работа полностью соответствует п. 9 «Положения о присуждении учёных степеней», утверждённого Постановлением Правительства Российской Федерации № 842 от 24 сентября 2013 г. (в действующей редакции), предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата медицинских наук, а ее автор заслуживает присуждения искомой ученой степени кандидата медицинских наук по специальности 3.2.2. Эпидемиология.

26.09.2024ч

Согласен на сбор, обработку, хранение и размещение в сети «Интернет» моих персональных данных (в соответствии с требованиями Приказа Минобрнауки России №662 от 01.07.2015г.), необходимых для работы диссертационного совета 64.1.010.01.

Ведущий научный сотрудник,
и. о. заведующего отделом лабораторной
диагностики ИППП и дерматозов, к.б.н.
ФГБУ «Государственный научный
центр дерматовенерологии и косметологии»
Минздрава России

Подпись Носова Никиты Юрьевича заверяю:



Носов Никита Юрьевич



Федеральное государственное бюджетное учреждение «Государственный научный центр дерматовенерологии и косметологии» Министерства здравоохранения Российской Федерации
Адрес: 107076, г. Москва, ул. Короленко, дом 3, стр. 6
Телефон: +7 (499) 785-20-15
E-mail: info@cnikvi.ru