

федеральное государственное бюджетное  
образовательное учреждение  
высшего образования  
**«Кемеровский государственный  
медицинский университет»**  
Министерства здравоохранения  
Российской Федерации  
**ФГБОУ ВО КемГМУ  
Минздрава России**

650056, Кемерово, ул.Ворошилова, 22а  
тел./факс (8-3842) – 734856  
e-mail: kemsma@kemsma.ru  
ИНН 4206007720, КПП 420501001  
ОКПО 01963077, ОГРН 1024200713514

“26” 03 2025 г. № 2519/3  
на № \_\_\_\_\_ от \_\_\_\_\_

«УТВЕРЖДАЮ»  
И.о. ректора

доктор медицинских наук,  
доцент  
С.Л. Кан



26 марта 2025г.

## ОТЗЫВ

ведущей организации - федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Кемеровский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации о научно-практической ценности диссертационной работы Винокурова Михаила Андреевича на тему «Совершенствование системы эпидемиологического надзора за раком шейки матки на основе использования риск-ориентированного генетического тестирования», представленную на соискание ученой степени кандидата медицинских наук по специальности 3.2.2. Эпидемиология (медицинские науки)

### Актуальность темы диссертационной работы

Рак шейки матки (РШМ) остается одной из ключевых онкологических патологий глобального масштаба, занимая третье место по распространенности среди женщин репродуктивного возраста и уступая лишь раку молочной и раку щитовидной железы. По данным Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ) на 2022 год, ежегодно регистрируется

около 662 тысяч новых случаев РШМ, а смертность достигает 350 тысяч случаев, что делает его четвертой по значимости причиной онкологической смертности среди женщин. В Российской Федерации заболеваемость РШМ составляет 24 случая на 100 тысяч женского населения, что значительно превышает средний показатель по Европе (около 11 случаев на 100 тысяч) и является максимальным среди европейских стран.

Вирус папилломы человека (ВПЧ), особенно высокоонкогенные генотипы 16 и 18, признан ведущим этиологическим фактором РШМ, ответственным за более чем 90% всех случаев заболевания. Эти генотипы вызывают персистирующую инфекцию, которая в 1–5% случаев прогрессирует до предраковых состояний и онкогенной трансформации клеток шейки матки. Современные методы скрининга, такие как цитологическое исследование (Пап-тест) и ДНК-тестирование на ВПЧ, способны выявлять до 90% предраковых изменений при условии их своевременного применения. Однако в России охват скрининговыми программами остается недостаточным: по данным Росстата РФ за 2022 год, лишь около 30% женщин из целевой группы (возраст 25–64 года) проходят регулярное обследование.

Диагностическая чувствительность существующих методов также требует совершенствования: чувствительность Пап-теста варьируется от 50% до 70%, тогда как ВПЧ-тестирование демонстрирует более высокие показатели (85–95%), но его доступность в регионах России ограничена. Показано, что генетические факторы, включая полиморфизмы генов иммунного ответа (например, *HLA*, *TP53*) и мутации, связанные с процессами канцерогенеза, играют ключевую роль в предрасположенности к РШМ. Исследования показывают, что у носителей определенных аллелей риск развития заболевания может увеличиваться в 2–3 раза, что подчеркивает необходимость их систематического изучения для персонализированной профилактики РШМ.

Отсутствие в Российской Федерации единой интегрированной системы эпидемиологического надзора за РШМ значительно осложняет контроль заболеваемости и смертности. Например, в 2022 году уровень смертности от РШМ в России составил 6,4 случая на 100 тысяч женщин, что почти втрое выше, чем в странах с развитыми системами надзора, таких как Норвегия (2,1 на 100 тысяч). Это связано с недостаточной координацией между

медицинскими учреждениями, низким уровнем осведомленности населения и отсутствием риск-ориентированных подходов в профилактике.

Применение риск-ориентированного подхода, основанного на генетическом тестировании, позволяет идентифицировать группы высокого риска, что может оптимизировать эпидемиологический надзор и повысить эффективность ранней диагностики. Интеграция таких методов в России, наряду с увеличением охвата скрининга до 60–70% и повышением уровня информированности населения, соответствует целям международной стратегии ВОЗ по элиминации РШМ к 2030 году, предполагающей снижение заболеваемости ниже 4 случаев на 100 тысяч женщин.

В этом контексте диссертационная работа Винокурова М.А., направленная на совершенствование системы эпидемиологического надзора за РШМ с использованием риск-ориентированного генетического тестирования, обладает актуальностью и представляет научный и практический интерес.

**Научная новизна исследования, полученных результатов, выводов и рекомендаций, сформулированных в диссертации.** Научная новизна диссертационной работы Винокурова М.А. заключается в комплексном подходе к изучению эпидемиологии РШМ и разработке новых решений для совершенствования системы эпидемиологического надзора в России при помощи риск-ориентированного генетического тестирования. На основе 16-летнего анализа (2007–2022 гг.) установлено, что РШМ сохраняет лидирующие позиции среди онкологических заболеваний женщин репродуктивного возраста (15–49 лет), составляя  $15,2 \pm 1,6\%$  от всех онкологических новообразований в этой группе. Заболеваемость РШМ демонстрировала волнообразную динамику: с 17,58 случая на 100 тысяч женского населения в 2007 году она выросла до пикового значения 22,57 в 2018 году ( $p < 0,005$ ), затем снизилась до 19,6 в 2021 году ( $p < 0,005$ ), а в 2022 году вновь увеличилась до 20,33 ( $p = 0,0035$ ). Прогнозируется возвращение заболеваемости к допандемийным уровням в 2025–2026 годах. Смертность от РШМ также характеризовалась колебаниями: с 8,44 случая на 100 тысяч в 2015 году она уменьшилась до 7,46 в 2021 году ( $p < 0,005$ ), но в 2022 году выросла до 7,79 ( $p < 0,005$ ), что подчеркивает нестабильность тенденций и необходимость усиления контроля.

Соискателем продемонстрирована негативная тенденция в возрастной структуре заболеваемости. В 2007 году пик заболеваемости приходился на возраст 45–49 лет (12,1%), а к 2022 году сместился к 40–44 годам (13,7%), причем почти половина случаев ( $47,02 \pm 0,60\%$ ) стабильно регистрировалась у женщин 15–49 лет. Впервые показано снижение летальности на первом году после диагностики на 7,1% (с 19% в 2007 году до 11,9% в 2021 году,  $p<0,005$ ) с сохранением стабильности в 2022 году, а также уменьшение общей летальности с 4,3% до 2,9% ( $p<0,005$ ) за тот же период. Удельный вес активно выявленных случаев вырос в 1,43 раза (с 29,5% в 2007 году до 42,3% в 2017 году,  $p<0,005$ ), но с 2018 года снизился в 1,2 раза до 34,7% в 2021 году ( $p<0,005$ ), с незначительным ростом до 34,9% в 2022 году ( $p>0,05$ ). Доля пациенток с диагнозом на ранней стадии увеличилась с 64,2% в 2007 году до 74,6% в 2022 году ( $p<0,005$ ), что свидетельствует о прогрессе в диагностике.

С использованием кластерного анализа впервые выявлена выраженная региональная неоднородность заболеваемости РШМ в России. В четырех регионах (Республики Тыва и Бурятия, Забайкальский край, Магаданская область) медиана заболеваемости в два раза превышает среднероссийский уровень: 29,28 (95% ДИ 25,25–33,31) против 13,9 (95% ДИ 13,35–14,45,  $p<0,005$ ). В 28 регионах, преимущественно в Сибирском, Дальневосточном и Северо-Западном федеральных округах, показатель также выше общероссийского: 18,42 (95% ДИ 17,64–19,21,  $p<0,005$ ).

Новаторским вкладом стало определение частот аллелей, ассоциированных с РШМ, в российской популяции (Москва и Московская область) для девяти полиморфизмов: *rs1048943* в *CYP1A1* (3%), *rs55986091* в *HLA-DQB1* (15%), *rs138446575* в *TTC34* (3%), *rs2516448* в *MICA* (39%), *rs9271898* в *HLA-DQA1* (51%), *rs73728618* в *HLA-DQA1* (10%), *rs10175462* в *PAX8* (39%), *rs1801133* в *MTHFR* (36%), *rs4646903* в *CYP1A1* (11%). Установлено соответствие этих данных европейским геномным биобанкам. Впервые разработана математическая формула для оценки полигенного риска на основе этих девяти маркеров, позволяющая рассчитать суммарный генетический вклад в развитие РШМ. Сравнение групп ВПЧ-инфицированных пациенток без неопластических изменений и с дисплазией высокой степени (HSIL) определило пороговые значения риска.

Особую ценность представляет впервые установленная статистически значимая связь трех полиморфизмов — *rs55986091* в *HLA-DQB1*, *rs2516448* в *MICA* и *rs9271898* в *HLA-DQA1* — с развитием дисплазии высокой степени у ВПЧ-инфицированных женщин. Наличие гомозиготных генотипов по референсным аллелям увеличивает риск в 2, 3,7 и 4 раза соответственно ( $p<0,001$ ). Доказано, что сочетание генетического тестирования с ВПЧ-типированием повышает чувствительность, специфичность и точность прогнозирования дисплазии высокой степени, что впервые обосновано на российской выборке.

Работа впервые предлагает научно обоснованные направления оптимизации системы эпидемиологического надзора за РШМ, включая развитие информационной, аналитической и управлеченческой подсистем, и определяет роль риск-ориентированного генетического тестирования. Эти результаты открывают новые перспективы для персонализированной профилактики и ранней диагностики РШМ, внося значимый вклад в решение актуальной проблемы общественного здоровья.

**Значимость для науки и практической деятельности полученных результатов.** Научно-практическая значимость диссертационной работы Винокурова М.А. определяется ее вкладом в решение актуальных задач профилактики, диагностики и эпидемиологического надзора за РШМ в Российской Федерации. Проведенное исследование обогатило современные представления об уровне, структуре и динамике заболеваемости и смертности от РШМ, выявив выраженную региональную неоднородность распространения патологии на территории страны. Это позволит в перспективе уточнить эффективность существующих профилактических мероприятий и онкологической помощи, предоставив новые данные для планирования медицинских мероприятий.

Важным практическим результатом стало создание девяти оригинальных методик на основе ПЦР в режиме реального времени для выявления аллелей риска, ассоциированных с РШМ. Эти методики охватывают девять полиморфных локусов в семи генах: *rs1048943* и *rs4646903* в *CYP1A1*, *rs55986091* в *HLA-DQB1*, *rs138446575* в *TTC34*, *rs2516448* в *MICA*, *rs9271898* и *rs73728618* в *HLA-DQA1*, *rs10175462* в *PAX8*, *rs1801133* в *MTHFR*. Разработанные подходы отличаются высокой специфичностью и точностью,

обеспечивая надежную идентификацию генетических маркеров, ассоциированных с повышенным риском развития патологий шейки матки. Их внедрение в клиническую практику может значительно повысить эффективность ранней диагностики данного заболевания.

Ключевым практическим достижением является разработка математической модели оценки генетического риска, которая количественно определяет вклад указанных полиморфных локусов в развитие дисплазии высокой степени. На основе этой модели сформирована риск-ориентированная стратегия скрининга, позволяющая выделять группы пациенток с повышенной вероятностью прогрессирования патологии. Такой подход оптимизирует использование ресурсов здравоохранения, концентрируя усилия на женщинах с высоким риском, и способствует своевременному выявлению предраковых состояний.

Практическая значимость работы усиливается предложенными направлениями совершенствования системы эпидемиологического надзора за РШМ. Обоснованы научно-методические подходы, интегрирующие вирусологический, серологический и статистический мониторинг с генетическим риск-ориентированным тестированием. Это позволяет не только собирать данные о наследственных факторах развития РШМ, но и адаптировать систему надзора к современным вызовам, повышая ее информационную и управленческую эффективность. Внедрение предложенных решений в медицинскую практику способно снизить заболеваемость и смертность от РШМ, улучшить качество жизни пациенток и оптимизировать затраты на лечение за счет раннего вмешательства.

Таким образом, результаты исследования обладают высоким прикладным потенциалом, предоставляя инструменты для персонализированной медицины и модернизации эпидемиологического надзора.

#### **Обоснованность, достоверность и объективность полученных результатов, выводов и практических рекомендаций.**

Обоснованность результатов обеспечивается тщательно спланированной методологией, соответствующей цели и задачам исследования, и анализом обширного массива данных за 2007–2022 годы. В работе использовались общенаучные и специальные методы, включая эпидемиологический, молекулярно-биологические и статистические. Применялся широкий спектр

статистических подходов: линейная регрессия и аддитивные модели для прогнозирования, иерархический кластерный анализ, Z-тест и критерий  $\chi^2$  для сравнения показателей, логистическая регрессия, анализ полигенных рисков, ROC-анализ для оценки моделей, включая площадь под кривой и метрики чувствительности, точности и специфичности, а также метод Холма для контроля ошибок первого рода.

Достоверность подтверждается большим объёмом выборки, строгим статистическим анализом с контролем ошибок и тестированием разработанных автором методик ПЦР для детекции аллелей риска. Математическая модель генетического риска прошла валидацию, показав высокую прогностическую ценность.

Результаты работы неоднократно обсуждались на различных конференциях и конгрессах. Выводы соответствуют поставленным задачам и основаны на полученных результатах диссертационного исследования, обработанных с использованием современных методов статистики.

**Оценка структуры и содержания диссертации, ее завершенности в целом, замечания по оформлению.** Диссертационная работа Михаила Андреевича Винокурова выполнена по классической схеме построения и включает следующие разделы: введение, шесть глав (обзор литературы, материалы и методы, четыре главы собственных исследований), заключение, выводы, практические рекомендации, перспективы дальнейшей разработки темы и список литературы. Общий объем работы составляет 187 страниц машинописного текста. Текст иллюстрирован 44 рисунками и 18 таблицами, что способствует наглядному представлению результатов исследования. Список литературы включает 128 источников (64 отечественных и 64 зарубежных), что свидетельствует о глубоком анализе научной базы по теме исследования и охвате как российской, так и международной литературы.

Структура диссертации логична и последовательна, а дизайн проведенных исследований полностью соответствует поставленным цели и задачам. Введение четко обосновывает актуальность темы, определяет научную новизну и практическую значимость работы. Обзор литературы демонстрирует всесторонний анализ современных данных об эпидемиологии, патогенезе и генетических аспектах РШМ. Разделы собственных исследований подробно описывают этапы работы, включая

эпидемиологический анализ, разработку методик генетического тестирования и их аprobацию, что подчеркивает завершенность исследования. Заключение, выводы и практические рекомендации логично вытекают из полученных результатов и предлагаю конкретные пути внедрения разработок в практику здравоохранения.

Автореферат диссертации оформлен в соответствии с установленными требованиями, содержит основные положения и результаты исследования, полностью отражая суть диссертационной работы. Объем автореферата и его структура соответствуют стандартам, а изложение материала отличается ясностью и лаконичностью.

В целом, диссертация представляет собой завершенное научное исследование, выполненное на высоком уровне, и производит благоприятное впечатление. Работа демонстрирует глубокий подход к решению поставленных задач и вносит значительный вклад в развитие эпидемиологического надзора за РШМ. Принципиальных замечаний по содержанию и оформлению диссертации и автореферата нет, однако, имеется несколько вопросов:

1. Какова доля наследственной предрасположенности к развитию РШМ в общей структуре факторов риска?

2. Кем должен проводиться эпидемиологический надзор за РШМ?

**Полнота изложения диссертации в работах, опубликованных соискателем.** Автором опубликовано 14 печатных работ, в том числе 4 статьи в изданиях, рекомендованных ВАК РФ для публикации основных научных результатов диссертации по специальности «Эпидемиология».

**Личное участие автора в получении результатов диссертационного исследования.** Участие автора представлено на всех этапах работы: планирование исследования, анализ данных отечественной и зарубежной литературы и нормативных документов по теме исследования, организация сбора биологических образцов, обработка экспериментальных данных, их комплексный анализ, систематизация и обобщение. Автором лично были разработаны и протестированы методики, основанные на ГЦР в режиме реального времени для определения аллелей в полиморфных локусах, ассоциированных с РШМ, а также математические модели для оценки уровня генетического риска развития РШМ по результатам применения методик.

Автор принимал активное участие в определении цели и задач исследования, а также в формулировании выводов диссертации.

**Соответствие диссертации паспорту специальности.** Научные положения и выводы диссертационной работы Винокурова М.А. соответствует паспорту специальности 3.2.2. Эпидемиология.

**Рекомендации по использованию результатов и выводов, приведенных в диссертационной работе.** Результаты исследования Винокурова М.А. могут быть рекомендованы для использования и внедрения в медицинских организациях, занимающихся вопросами эпидемиологии, клиники и профилактики инфекций, передаваемых половым путем. Выводы и практические рекомендации могут быть включены в деятельность образовательных организаций, реализующих программы высшего и дополнительного профессионального образования.

## **Заключение**

Диссертация Винокурова Михаила Андреевича на тему «Совершенствование системы эпидемиологического надзора за раком шейки матки на основе использования риск-ориентированного генетического тестирования», выполненная под руководством академика РАН, доктора медицинских наук, профессора Акимкина Василия Геннадьевича, представленная на соискание ученой степени кандидата медицинских наук по специальности 3.2.2. Эпидемиология, является законченной научно-квалификационной работой, в которой решена актуальная научная задача совершенствования системы эпидемиологического надзора за раком шейки матки на основе использования риск-ориентированного генетического тестирования, что имеет существенное значение для теории и практики эпидемиологии.

По актуальности, новизне, объему выполненных исследований, научной и практической ценности диссертационная работа Винокурова М.А. полностью соответствует требованиям пунктов 9-14 «Положения о присуждении ученых степеней», утвержденного Постановлением Правительства Российской Федерации от 24.09.2013г. № 842 (в действующей

редакции), предъявляемых к диссертациям на соискание ученой степени кандидата наук, а ее автор заслуживает присуждения степени кандидата медицинских наук по специальности 3.2.2. Эпидемиология.

Отзыв обсужден и одобрен на Ученом совете ФГБОУ ВО КемГМУ Минздрава России, Протокол заседания №8 от 26 марта 2025г.

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

26.03.2025г

Отзыв составил:

Заведующий кафедрой эпидемиологии и  
инфекционных болезней  
ФГБОУ ВО КемГМУ Минздрава России,  
член-корреспондент РАН, д.м.н., профессор

*Бруси*

Брусина Елена  
Борисовна

Подпись члена-корреспондента РАН д.м.н., профессора Е.Б. Брусиной  
заверяю

Ученый секретарь Ученого Совета  
ФГБОУ ВО КемГМУ Минздрава России,  
д.м.н., доцент  
Наименование организации:

*З*

Д.Ю. Кувшинов

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования «Кемеровский государственный медицинский  
университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации (ФГБОУ  
ВО КемГМУ Минздрава России).

Адрес: 650056, Кемеровская область – Кузбасс, город Кемерово, ул.  
Ворошилова, д. 22 А.

Телефон: +7 (3842) 73-48-56

Электронная почта: [kemsma@kemsma.ru](mailto:kemsma@kemsma.ru)

Веб-сайт: <https://kemsmu.ru/>