

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 исследования. В конце 2019 года Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ) получила информацию о вспышке неизвестной пневмонии в Китае. Первый случай заболевания новым коронавирусом SARS-CoV-2 был зарегистрирован 17 ноября 2019 года в провинции Ухань. К концу января 2020 года вирус начал стремительно распространяться, что привело к международной чрезвычайной ситуации в области общественного здравоохранения. В результате в мире началась пандемия COVID-19 — тяжёлой острой респираторной инфекции, вызванной новым типом коронавируса.

Система молекулярно-генетического мониторинга за вариантами возбудителя позволяет своевременно выявлять новые варианты SARS-CoV-2 и корректировать ограничительные меры для снижения уровня заболеваемости.

В период с 2020 по 2022 год в России наблюдалось несколько этапов распространения COVID-19. С марта 2020 года по январь 2021 года были введены меры по предотвращению распространения инфекции. С января 2021 года и по настоящее время ситуация поменялась из-за изменения биологических свойств SARS-CoV-2 и проведения вакцинации. До декабря 2021 года в России циркулировал штамм Wuhan MN908947 SARS-CoV-2, также известный как «дикий тип». Кроме того, в стране были обнаружены несколько крупных линий SARS-CoV-2: Alpha, Beta, Gamma и Delta. В декабре 2021 года в России появился новый штамм Omicron (B.1.1.529) SARS-CoV-2, отличающийся от Wuhan MN908947 наличием более 30 мутаций. Всемирная организация здравоохранения отметила его повышенную контагиозность. В январе 2022 года произошло резкое увеличение числа заболевших COVID-19 — более 203 тысяч случаев в сутки. При этом доминирующий штамм Delta быстро сменился на Omicron SARS-CoV-2.

Для оценки рисков для системы здравоохранения, связанных с новым вариантом возбудителя, а также для обследования контактных лиц,

потребовалось увеличить объём исследуемых образцов в рамках молекулярно-генетического мониторинга. В результате распространения нового варианта Omicron SARS-CoV-2 основное внимание в комплексе противоэпидемических и профилактических мер было сосредоточено на тестировании и отслеживании контактов заражённых людей. В период с 2020 по 2022 год в России для изучения различных вариантов SARS-CoV-2 использовались только методы секвенирования (полногеномное и секвенирование отдельных участков генов по методу Сэнгера). Эти методы позволяли полноценно наблюдать за появлением новых вариантов вируса. Однако в периоды резкого роста заболеваемости, связанного с появлением новых вариантов, требовалось увеличение объёма исследований.

Значительное увеличение количества исследуемых изолятов было достигнуто за счёт увеличения количества лабораторий, занимающихся секвенированием, и повышения их загрузки. Однако такое расширение было ограничено производительностью лабораторного оборудования и привело к увеличению затрат на дорогостоящее секвенирование. Альтернативой этому стало использование методов генотипирования, не связанных с секвенированием.

Диссертационная работа Есьман Анны Сергеевны посвящена совершенствованию системы молекулярно-генетического мониторинга вариантов SARS-CoV-2 путем внедрения в практику методов скринингового типирования, основанного на ПЦР в режиме реального времени, что позволило оперативно учитывать генетические особенности вариантов, циркулирующих на территории России.

Научная новизна, теоретическая и практическая значимость исследования связаны с анализом специфики распространения новой коронавирусной инфекции (COVID-19) в Российской Федерации и её регионах в период с 2020 по 2022 год, включая изучение появления и распространения различных вариантов SARS-CoV-2. Разработанные лабораторные методики позволяют быстро и точно дифференцировать варианты Delta и Omicron SARS-CoV-2 и их субварианты, достигая 100% точности. В 2021–2022 годах использование ПЦР-РВ улучшило молекулярно-генетический мониторинг за вариантами возбудителя новой коронавирусной инфекции.

Внедрение данных методик во всех регионах России позволило Роспотребнадзору проводить мониторинг вариантов SARS-CoV-2 без секвенирования, значительно расширив список лабораторий. Сокращение времени анализа дало возможность оперативно вносить изменения в противоэпидемические меры. Применение методов типирования SARS-CoV-2

заложило основу для дальнейшего развития молекулярно-генетического мониторинга и может быть использовано для типирования других патогенов.

Достоверность полученных результатов. Объем проанализированных в работе данных позволил соискателю сформулировать аргументированные выводы. Результаты диссертационного исследования многократно представлены на международных, всероссийских и межрегиональных конференциях и конгрессах. Полученные результаты соответствуют пунктам 2, 5, 7 паспорта специальности 3.2.2. Эпидемиология.

Автореферат оформлен в соответствии с требованиями, работа представлена логично, понятно и полностью формирует общее понимание о выполненной диссертационной работе.

Личный вклад. Опубликовано 6 научных статей, в том числе 4 в рецензируемых научных изданиях из перечня ВАК и 2 в зарубежных журналах. Анна Сергеевна самостоятельно выполнила все эпидемиологические, молекулярно-биологические и статистические исследования, получив 6 патентов на изобретение, предполагаемых к защите патентным правом на территории Российской Федерации. Разработанные методики внедрены в 85 регионах в работе Центров Гигиены и Эпидемиологии Роспотребнадзора и в ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора при молекулярно-генетическом мониторинге COVID-19 в 2021–2022 годах.

Результаты исследования были реализованы в виде Распоряжения Правительства РФ от 10 февраля 2022 года № 213-р о промышленном выпуске комплекта реагентов для типирования SARS-CoV-2 (150 000 определений).

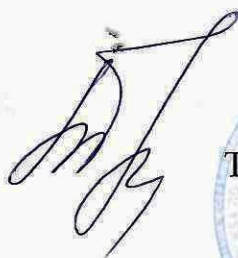
Заключение. Таким образом, диссертационное исследование Есьман А.С. на тему «Молекулярно-генетический мониторинг вариантов возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID-19) на основе скрининговых методов типирования» является законченной научно-квалификационной работой, в которой решена актуальная научная задача — научно-методическое обоснование совершенствования молекулярно-генетического мониторинга вариантов возбудителя новой коронавирусной инфекции (COVID–19) путем внедрения в практику метода скринингового типирования. Актуальность, новизна, теоретическая и практическая значимость выполненной работы полностью соответствуют 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.

Согласна 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.

30.10.2024г

Директор Федерального бюджетного
учреждения науки
«Хабаровский научно-исследовательский
институт эпидемиологии и микробиологии»
Федеральной службы по надзору
в сфере защиты прав потребителей
и благополучия человека,
доктор медицинских наук



Троценко Ольга Евгеньевна



Подпись д.м.н. Троценко Ольги Евгеньевны заверяю:

Ученый секретарь Федерального
бюджетного учреждения науки
«Хабаровский научно-исследовательский
институт эпидемиологии и микробиологии»
Федеральной службы по надзору
в сфере защиты прав потребителей
и благополучия человека,
кандидат медицинских наук



Корита Татьяна Васильевна

Федеральное бюджетное учреждение науки «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека
Адрес: ул. Шевченко, д.2, г. Хабаровск, 680610
E-mail: adm@hniiem.ru