

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Никифорова К.А «Научное обоснование и разработка комплексной системы молекулярно-генетической дифференциации штаммов *Yersinia pestis*», представленной на соискание учёной степени доктора медицинских наук по специальности 1.5.11. – Микробиология

В современных условиях жизни населения, при интенсивных движениях потоков людей внутри страны и между различными странами, не исключается появление как новых угроз и вызовов инфекционного характера, так и возвращение давно известных заболеваний, что зачастую приводит к чрезвычайным эпидемическим ситуациям. К таким, не теряющим свою актуальность и способность вызывать чрезвычайные ситуации, относится чума - особо опасная инфекция, возбудителем которой является бактерия *Yersinia pestis*. В целях максимального противодействия негативным явлениям, обусловленным, в том числе, распространением опасных инфекционных агентов, угрожающих здоровью и жизни людей, в России принят федеральный проект «Санитарный щит страны – безопасность для здоровья (предупреждение, выявление, реагирование)» на период до 2024 года, реализуемый как научными учреждениями страны, так и практической службой Роспотребнадзора и здравоохранения. В связи с этим актуальность и важность темы диссертационной работы К.А Никифорова «Научное обоснование и разработка комплексной системы молекулярно-генетической дифференциации штаммов *Yersinia pestis*», не вызывает сомнений.

На основании результатов анализа большого объёма библиографических данных отечественной и зарубежной литературы (638 источников) автор определил основную цель исследования – научно обосновать и разработать комплексную систему молекулярно-генетической дифференциации штаммов *Y. pestis*, основанную на данных филогенетического анализа штаммов, для повышения эффективности микробиологического мониторинга в очагах чумы.

Для достижения поставленной цели автором были определены 6 задач как теоретического плана, направленных на проведение филогеографического анализа популяционной структуры различных подвидов *Y. pestis*, распространённых в природных очагах России и сопредельных государств, на изучение филогенетического разнообразия штаммов *Y. pestis* на различных территориях, так и методического характера, включающих разработку системного, комплексного подхода к применению методов молекулярно-генетического анализа для выявления, индикации, идентификации и внутривидовой дифференциации штаммов возбудителя чумы.

Следует отметить большое количество объектов исследования (штаммы *Y. pestis*), широкую географию территорий Российской Федерации и сопредельных государств, где изучались природные очаги чумы и были выделены штаммы возбудителя, высокий методический уровень данного исследования, обусловленный применением широкого спектра самых

современных микробиологических, биохимических, молекулярно-генетических, биоинформационных и статистических методов.

Научная новизна и теоретическая значимость результатов данного исследования несомненна и подтверждается широкой представленностью приоритетных данных в открытом информационном пространстве (29 публикаций различного уровня, 2 патента, свидетельство о регистрации программы для ЭВМ, доклады на научно-практических форумах).

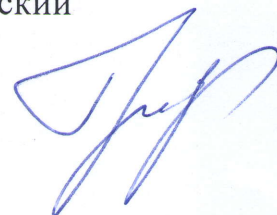
Несомненным достоинством работы является высокий уровень практической значимости полученных результатов, которые позволили усовершенствовать методические приёмы и подходы для молекулярно-генетической идентификации штаммов из природных очагов чумы, расширения возможностей дифференциации штаммов возбудителя чумы, повышения эффективности оперативного расследования случаев чумы в природных очагах России, других стран СНГ и сопредельных государств.

В целом, данная диссертационная работа, выполненная на актуальную тему на высоком научном и методическом уровне, является законченным квалификационным исследованием, несущим элементы научной новизны с чётко выраженной практической направленностью. Задачи, поставленные исследователем, полностью решены, что логически отражено в содержании выводов и положений, выносимых на защиту. Публикации в достаточно полной мере содержат сведения о полученных автором результатах.

Следует особенно отметить, что в диссертационной работе К.А. Никифоровым достигнута поставленная цель исследования: решена важная научная проблема филогенетики возбудителя чумы и, как следствие, совершенствования его мониторинга путём использования разработанной комплексной системы молекулярно-генетической дифференциации.

Считаю, что диссертационная работа К.А. Никифорова «Научное обоснование и разработка комплексной системы молекулярно-генетической дифференциации штаммов *Yersinia pestis*» полностью соответствует п. 9 «Положения о порядке присуждения учёных степеней», утверждённого постановлением Правительства Российской Федерации от 24.09.2013 г. № 842 (в редакции постановлений Правительства Российской Федерации от 30.07.2014 № 723, от 21.04.2016 № 335, от 02.08.2016 № 748, от 29.05.2017 № 650, от 28.08.2017 № 1024, от 01.10.2018 № 1168, от 20.03.2021 № 426, от 11.09.2021 № 1539, от 26.09.2022 № 1690, от 26.01.2023 № 101, от 18.03.2023 № 415), предъявляемым к докторским диссертациям, а её автор заслуживает присуждения учёной степени доктора медицинских наук по специальности 1.5.11. – Микробиология.

Главный научный сотрудник Федерального бюджетного учреждения науки «Нижегородский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. академика И.Н. Блохиной» Роспотребнадзора,
д.б.н., профессор Григорьева Галина Ивановна



603950, г. Нижний Новгород, ул. Малая Ямская, д.71
ФБУН ННИИЭМ им. академика И.Н.Блохиной Роспотребнадзора
т. (831)469 79 01
E-mail: micro@nniem.ru

Подпись Г.И. Григорьевой заверяю:
Ученый секретарь ФБУН ННИИЭМ
им. академика И.Н. Блохиной
Роспотребнадзора, к.б.н.



М.С. Снегирева