

ОТЗЫВ

официального оппонента, доктора медицинских наук, профессора Базикова Игоря Александровича на диссертационную работу Самойленко Ирины Евгеньевны на тему «Обоснование совершенствования микробиологического мониторинга за природными очагами инфекций, вызываемых риккетсиями и бартонеллами», представленной на соискание ученой степени доктора медицинских наук по специальности 1.5.11. – микробиология.

Актуальность темы выполненной работы

На основании данных официальной статистики можно констатировать, что клещевые риккетсиозы занимают значительную долю в структуре заболеваемости природно-очаговыми инфекциями, что свидетельствует об их высокой эпидемиологической значимости. Разнообразие патогенных и условно-патогенных риккетсий было обнаружено не только на территориях, эндемичных по клещевому сыпному тифу, а также в регионах с отсутствием ранее зарегистрированных случаев данного заболевания. Выявленное разнообразие риккетсий свидетельствует о существовании сложных экосистем, в которых эти микроорганизмы могут обитать и передаваться между различными хозяевами, включая клещей и млекопитающих. Это диктует необходимость разработки инновационных подходов к микробиологическому мониторингу природных очагов риккетсиозов и углубленного изучения экологических факторов, влияющих на распространение возбудителей.

В рамках изучения трансмиссивных инфекционных заболеваний, передающихся клещами на территории Российской Федерации, особое внимание уделяется сибирскому клещевому тифу, который характеризуется эндемичностью в регионах Северной Азии. Данный риккетсиоз является наиболее распространенным представителем группы клещевых инфекций в указанном регионе наряду с клещевым энцефалитом и иксодовыми клещевыми боррелиозами, что подтверждается результатами эпидемиологических исследований и анализом статистических данных.

В Российской Федерации выявлено присутствие прежде не идентифицированных видов рода *Rickettsia*, в частности *Rickettsia raoultii* и *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*. Тем не менее, фундаментальные биологические характеристики данных микроорганизмов, включая оптимальные условия культивирования *in vitro* и их патогенный потенциал для человека, остаются не до конца изученными и требуют углубленного анализа. В связи с этим, не вызывает сомнений актуальность исследований, проводимых Самойленко И.Е., которые направлены на всестороннее

изучение указанных возбудителей. Принимая во внимание значительное разнообразие антигенных детерминант и генетических особенностей, присущих риккетсиям, для детальной характеристики возбудителей клещевых риккетсиозов необходимо комплексное применение как традиционных, так и современных молекулярно-генетических методов.

Помимо широко известных клещевых патогенов, в Российской Федерации выявлен ряд новых микроорганизмов, относящихся к классу альфа-протеобактерий, а именно эрлихии, анаплазмы и бартонеллы. Некоторые из них представляют потенциальную угрозу для здоровья человека, вызывая заболевания различной степени тяжести. Исследования, направленные на изучение распространения бартонелл на территории Российской Федерации, находятся на начальном этапе. Полный видовой состав данного рода бактерий, циркулирующих в экосистемах страны, еще предстоит установить, что является важной задачей для понимания эпидемиологической обстановки и разработки эффективных мер профилактики.

Необходимость совершенствования методологии микробиологического мониторинга природных очагов инфекций продиктована также способностью эктопаразитов быть резервуарами как вирусных, так и бактериальных патогенов человека. В связи с чем важное значение приобретает углубленное изучение экосистем, где одновременно циркулируют возбудители различных трансмиссивных клещевых инфекций.

В свете вышеизложенного, диссертационное исследование Самойленко И.Е., сфокусированное на всестороннем изучении биологических характеристик вновь выявленных представителей рода *Rickettsia*, а именно *Rickettsia raoultii* и *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*, наряду с экологическими особенностями *Rickettsia raoultii* и анализом взаимодействия между различными видами риккетсий в природных очагах, а также на исследовании видового разнообразия бартонелл в природных очагах юга Западной Сибири с применением современных молекулярно-биологических методов, безусловно, является актуальным и обладает высокой научной значимостью.

Степень новизны исследований, обоснованность научных положений, выводов и рекомендаций, сформулированных в диссертации

Значимость диссертационного исследования для научного сообщества обусловлена наличием ряда новаторских результатов. В частности, при личном участии автора впервые была произведена идентификация ранее неизвестного вида риккетсий, принадлежащего к группе клещевых пятнистых

лихорадок *Rickettsia raoultii*. Осуществлено комплексное изучение генетических и фенотипических характеристик этого вида риккетсий.

В ходе новаторского исследования с использованием культивируемых линий клещей были успешно выделены и охарактеризованы по ряду генотипических и фенотипических признаков штаммы *Rickettsia raoultii* всех трех генотипов: DnS14, DnS28 и RpA4. Проведено экспериментальное исследование, направленное на выяснение характера их связей с переносчиками. Результаты проведенных исследований, зафиксированные в патентах (RUS 2235769, RUS 2616287, RUS 2704449), служат веским подтверждением значимости представленных штаммов для понимания экологии риккетсиозов, переносимых клещами.

Экспериментальные исследования продемонстрировали наличие конкурентных взаимодействий между различными видами риккетсий в паразитарных системах природных очагов. В частности, было установлено, что клещи, инфицированные *Rickettsia raoultii*, проявляют резистентность к последующему заражению *Rickettsia sibirica*. Впервые, с применением культуры клеток, были выделены штаммы *Candidatus Rickettsia tarasevichiae* (патент RUS 2354691), что представляет собой значительный вклад в систематику и изучение риккетсиальных патогенов.

Молекулярно-генетические исследования, проведенные на юге Западной Сибири, позволили выявить циркуляцию известных видов рода *Bartonella*, таких как *Bartonella grahamii* и *Bartonella taylorii*, в популяциях мелких диких млекопитающих. Кроме того, был обнаружен новый генотип бартоnell, отличающийся от ранее описанных. Идентификация данного генотипа осуществлялась с применением мультилокусного анализа. Этот генотип описан как *Candidatus Bartonella rudakovii*. Полученные данные расширяют представления о биоразнообразии рода *Bartonella* и подчеркивают значимость дальнейших исследований в этой области.

На территории Называевского района Омской области был выявлен и детально исследован новый природный очаг клещевых риккетсиозов, характеризующийся сочетанной циркуляцией двух патогенных видов риккетсий: *Rickettsia sibirica* и *Rickettsia raoultii*. Впервые на территории Российской Федерации методами молекулярной биологии была подтверждена смешанная инфекция, вызванная *Rickettsia sibirica* и *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*, закончившаяся летальным исходом.

Нуклеотидные последовательности генов *Rickettsia raoultii* и *Candidatus B. rudakovii* были депонированы в базе данных NCBI GenBank, что обеспечивает их доступность для научного сообщества и способствует дальнейшему изучению данных микроорганизмов.

На основании полученных данных был разработан «Алгоритм микробиологического мониторинга природных очагов клещевых риккетсиозов» и запатентован как промышленный образец № 134323 от 01.12.2022. Алгоритм включает четыре последовательных этапа и представляет собой инновационный инструмент для систематического наблюдения и анализа эпидемической ситуации в природных очагах клещевых риккетсиозов.

Созданы две базы данных с высоким информационным потенциалом. Первая – «Коллекция штаммов риккетсий клещевой пятнистой лихорадки» Федерального государственного бюджетного учреждения науки «Омский научно-исследовательский институт природно-очаговых инфекций» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека (№ 2022622333) – содержит информацию о биологических характеристиках риккетсий, включая генотипические и фенотипические особенности, и позволяет анализировать эпидемиологические и патогенетические аспекты заболевания. Вторая – «Результаты серологических исследований на клещевые риккетсиозы» (№ 2023621833) – позволяет анализировать региональные особенности проявления заболевания и генетическое разнообразие популяций возбудителей. Базы данных являются важным инструментом для научных исследований, разработки профилактических мер и контроля заболеваемости клещевыми риккетсиозами.

Теоретическая и практическая значимость диссертационной работы

Настоящее исследование внесло существенный вклад в теоретическое и практическое осмысление проблемы клещевых риккетсиозов, существенно расширив наши знания о сложных экосистемных взаимодействиях между различными видами риккетсий, а также риккетсий и других сочленов паразитарной системы в природных очагах.

Теоретическая значимость работы обусловлена предоставлением новых экспериментальных данных, которые способствуют углублению понимания конкурентных взаимодействий между *Rickettsia sibirica* и *Rickettsia raoultii*. Исследование выявило механизмы, непосредственно влияющих на эпидемический процесс в природных очагах коинфекции. Впервые детально изучен и подтвержден потенциал иксодовых клещей рода *Dermacentor* в качестве компетентных векторов для *Rickettsia raoultii*, что открывает новые перспективы в понимании механизмов трансмиссивности и распространения данного патогена.

Таким образом, данное исследование не только способствует обогащению научных знаний в области клещевых риккетсиозов, но и предоставляет важные практические данные, которые могут быть использованы для разработки более эффективных мер по профилактике и контролю инфекций, вызванных риккетсиями в природных экосистемах.

В результате исследований, проведенных на территории Называевского района Омской области, впервые был обнаружен и охарактеризован природный очаг клещевого риккетсиоза. Установлено, что в данном очаге происходит совместная циркуляция двух патогенных микроорганизмов: классического агента *Rickettsia sibirica* и недавно идентифицированного вида *Rickettsia raoultii*. Это подтверждает, что нозоареал сибирского клещевого тифа продолжает формироваться. Также были выявлены особенности клинических проявлений заболевания в этом регионе, что способствует повышению эффективности диагностических и терапевтических мероприятий.

На основании анализа полученных данных обоснован и практически подтвержден оптимальный методологический подход к изучению природных очагов клещевых риккетсиозов. Данный подход базируется на комплексном применении молекулярно-биологических и культуральных методов исследования. Интеграция этих методов позволяет не только выявлять наличие риккетсий в различных компонентах экосистем, включая клещей и мелких млекопитающих, но и оценивать их вирулентные характеристики, а также изучать экологические особенности циркуляции возбудителей.

Применение комплекса молекулярно-биологических и культуральных методов для всестороннего анализа состояния природных очагов клещевых риккетсиозов является не только теоретически обоснованным, но и практически подтвержденным подходом, демонстрирующим высокую эффективность в выявлении и оценке эколого-эпидемиологических характеристик данных инфекций. Разработан алгоритм микробиологического мониторинга природных очагов риккетсиозов, вызываемых клещами, который включает в себя классические риккетсиологические методы, современные молекулярно-биологические техники и экспериментальные подходы. Этот подход позволяет обеспечить многоаспектное изучение природных очагов клещевых риккетсиозов, включая идентификацию возбудителей, оценку их распространенности и генетического полиморфизма, а также разработку превентивных мер для снижения риска заражения человека.

Практическая значимость диссертационного исследования заключается в разработке и внедрении инновационного алгоритма мониторинга природных очагов инфекционных заболеваний, что обеспечивает высокую

эффективность в анализе пространственно-временной динамики популяционных структур риккетсий. Этот алгоритм позволяет систематически отслеживать эволюционные изменения генетических и фенотипических характеристик патогенов, что является важным для прогнозирования и своевременного реагирования на потенциальные эпидемиологические угрозы.

Сформированные электронные базы данных предоставляют возможность детального анализа временных трендов в изменчивости риккетсий. Это позволяет не только фиксировать текущие состояния популяций, но и прогнозировать их дальнейшее развитие. Таким образом, разработанная методология способствует оптимизации эпидемиологического надзора.

Депонирование авторских штаммов новых представителей рода *Rickettsia* в Государственную коллекцию бактерий II-III групп патогенности Федерального государственного бюджетного учреждения «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи» Министерства здравоохранения Российской Федерации играет важную роль в области обмена научной информацией.

Полученные результаты уже нашли широкое применение. Материалы диссертационной работы используются в образовательном процессе высших учебных заведений медицинского профиля, используются в работе практических учреждений Федеральной службы по надзору в сфере защиты послужили основой для подготовки методических документов (СП 3.1.33100-15, МУ 3.1.1755-03, МР 3.1.0281-22), вошли в материалы двух монографий, написанных в соавторстве. Это подчеркивает не только научную значимость, но и ее практическую применимость в развитии системы борьбы с клещевыми риккетсиозами.

Достоверность результатов исследования, в том числе публикации в рецензируемых изданиях

Результаты, представленные автором, обладают высокой степенью достоверности, что обусловлено применением тщательно разработанной методологической стратегии, ориентированной на достижение четко сформулированных исследовательских задач. В рамках данного исследования был использован комплексный подход, включающий современные микробиологические (риккетсиологические), молекулярно-биологические и серологические методы, которые характеризуются высокой степенью точности и специфичности. Таким образом, можно с уверенностью

утверждать, что результаты исследования являются репрезентативными и имеют прочную научную основу.

Основные результаты диссертационной работы Самойленко И.Е. были представлены на 29 научных и научно-практических конференциях международного, всероссийского и межрегионального уровней. По теме диссертации опубликовано 40 печатных работ, среди которых 31 статья в изданиях, включенных в перечень, рекомендованный ВАК Министерства образования и науки Российской Федерации, а также в зарубежных журналах, индексируемых международными системами цитирования, 2 статьи опубликованы в других изданиях, 3 тезиса – в рецензируемом издании, 2 монографии изданы в соавторстве, а также 2 тезиса представлены в материалах международной конференции. Кроме того, получено 5 патентов на изобретения, 1 патент на промышленный образец, зарегистрированы 2 базы данных и разработано 3 нормативно-методических документа. Опубликованные работы полностью соответствуют тематике диссертационного исследования, отражают основные научные результаты, ключевые положения и выводы, представленные к защите.

Оценка содержания, завершенности и оформления диссертации

Диссертационная работа И.Е. Самойленко представляет собой законченное научное исследование, оформленное в соответствии с требованиями ВАК, предъявляемыми к диссертациям на соискание ученой степени доктора наук. Исследование, объемом 234 страницы, структурировано и включает методологическую основу и методы исследования, обзор научной литературы, пять глав, посвященных оригинальным исследованиям, заключение, выводы, практические рекомендации, перспективы дальнейшего развития темы, список сокращений и библиографию. Библиографический список насчитывает 489 источников, из которых 37 отечественных и 452 зарубежных, что свидетельствует о широком охвате научной литературы и глубоком погружении автора в предмет исследования. Работа также содержит 13 таблиц и проиллюстрирована 15 рисунками, что позволяет наглядно представить результаты исследования и сделать их более доступными для анализа.

В разделе «Введение» автор убедительно обосновывает актуальность исследуемой проблемы и проводит детальный анализ ее изученности в научной литературе. Цели и задачи исследования четко сформулированы, научная новизна, теоретическая и практическая значимость убедительно аргументированы. В этом разделе подробно описаны материалы и методы исследования, а также приведен объем проведенных исследований с

использованием таблиц. Автор проявляет глубокое знание темы исследования, что позволяет ему выбрать оптимальные методологические подходы и убедительно обосновать их эффективность для достижения поставленных целей. В тексте подробно изложены сведения о личном вкладе автора, а также об апробации полученных результатов и их полноте представления в научных публикациях.

В разделе «Обзор литературы» представлен всесторонний анализ современных данных о новых видах риккетсий, их распространении в экосистемах, а также их этиологической роли в инфекционной патологии человека. Рассмотрены видовые особенности бартонелл и их вклад в развитие заболеваний у людей. Особое внимание уделено описанию биологических моделей (лабораторные животные, развивающиеся куриные эмбрионы, культуры клеток, лабораторные линии клещей), применяемых для изучения риккетсий, включая экспериментальные системы, обеспечивающие высокий уровень воспроизводимости и валидности результатов, отмечены достоинства и ограничения каждой модели.

Раздел «Результаты собственных исследований» структурирован в пять глав, каждая из которых посвящена детальному анализу и систематизации проведенных экспериментов. Во второй главе представлен новый вид риккетсий, относящийся к группе клещевой пятнистой лихорадки, — *Rickettsia raoultii* sp. nov. В данной главе подробно описаны генотипические характеристики этого вида на основе мультилокусного анализа, ряд фенотипических свойств, в том числе иммунологические, а также исследованы методы его культивирования с использованием разнообразных биологических моделей (морские свинки, белые мыши, культуры клеток, клещевая экспериментальная модель). Особое внимание уделено выбору оптимальных моделей для изоляции и культивации данного микроорганизма. Кроме того, впервые изучены экологические аспекты данного вида риккетсий, включая результаты экспериментального исследования взаимоотношений *Rickettsia raoultii* с переносчиками на клещевой модели. Представлены данные о межвидовом взаимодействии риккетсий, в частности, между *Rickettsia raoultii* и *Rickettsia sibirica*, а также механизмы, обеспечивающие сохранение *Rickettsia raoultii* в природных очагах.

В третьей главе приведены результаты изучения биологических характеристик *Candidatus Rickettsia tarasevichiae* с применением широкого спектра экспериментальных методик. Основное внимание уделяется оценке эффективности различных биологических моделей для изоляции и культивирования данной риккетсии. В частности, рассматриваются такие модели, как культура клеток Vero, экспериментальные модели на морских

свинках и сосунках беспородных белых мышей, а также клещевая модель. На основании проведенного анализа были определены наиболее оптимальные условия для изучения *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*. Кроме того, в рамках исследования было выявлено перекрестное реагирование *Candidatus Rickettsia tarasevichiae* с антителами, специфичными для риккетсий групп клещевой пятнистой лихорадки и сыпного тифа, что имеет важное значение для диагностики данного риккетсиоза. В рамках исследования особое внимание было уделено изучению уровня трансовариальной передачи микроорганизма *Candidatus Rickettsia tarasevichiae*. Данный аспект имеет важное значение для понимания эпидемических процессов, связанных с этим патогеном.

В четвертой главе представлены результаты исследования роли новых видов риккетсий в качестве этиологических агентов инфекционных заболеваний человека. В частности, были выявлены случаи клещевого риккетсиоза, ассоциированные с *Rickettsia raoultii*. Подтверждение наличия ДНК данного микроорганизма в клещах, снятых с пациентов в Омской области, а также обнаружение антител к *Rickettsia raoultii* (генотипы Rp A 4 и Dn S 28) у пациентов с серонегативной реакцией на *R. sibirica* и клиническими проявлениями после укусов клещей в Новосибирской области и Алтайском крае, свидетельствуют о роли *Rickettsia raoultii* в развитии клещевого риккетсиоза. Кроме того, описан первый в России летальный случай клещевого риккетсиоза, вызванный смешанной инфекцией: *Candidatus Rickettsia tarasevichiae* и *Rickettsia sibirica*, зарегистрированный в Красноярском крае. Клиническая картина данного случая отличалась от типичной для сибирского клещевого тифа выраженным менингеальным синдромом и воспалительными изменениями сосудов головного и спинного мозга, что подчеркивает уникальность патогенеза и тяжесть течения заболевания при микст-инфекции. В рамках исследования был выявлен и изучен новый природный очаг риккетсиозов на территории Омской области, характеризующийся циркуляцией двух видов риккетсий, относящихся к группе клещевых пятнистых лихорадок: классического патогена *Rickettsia sibirica* и нового потенциально патогенного агента *Rickettsia raoultii*. Эти выводы были сделаны на основании молекулярно-биологических и серологических методов исследования, что подтверждает объективность и достоверность полученных данных.

В пятой главе автор приводит результаты исследования спектра альфа-протеобактерий, циркулирующих в популяциях мелких млекопитающих в природных очагах Омской области. Работа выполнена с применением современных молекулярно-генетических методов, таких как полимеразная цепная реакция и секвенирование нуклеотидных

последовательностей. В образцах селезенок полевок-экономок (*Microtus oeconomus*) выявлен ранее не описанный микроорганизм, относящийся к семейству *Rickettsiaceae*. На текущий момент его таксономическая принадлежность к роду *Rickettsia* окончательно не установлена, и он рассматривается как потенциальный кандидат в новый род. В результате мультилокусного анализа, основанного на сравнении последовательностей нескольких генов (16S рРНК, *ITS*, *gltA*, *rpoB* и *ftsZ*), описан кандидат в новый вид бартонелл, который назван *Candidatus Bartonella rudakovii*. Среди официально зарегистрированных видов бартонелл наиболее генетически близким к *Candidatus Bartonella rudakovii* является *Bartonella clarridgeiae* – этиологический агент болезни кошачьей царапины и бациллярного ангиоматоза, что свидетельствует об актуальности продолжения проводимых исследований.

В шестой главе представлены инновационные подходы к микробиологическому мониторингу природных очагов риккетсиозов, основанные на применении экспериментальных и молекулярно-биологических методов. Автор предлагает алгоритм микробиологического мониторинга, включающий четыре этапа – от скрининга территории на наличие риккетсий до изучения механизмов сохранения популяции риккетсий в очаге, который позволяет получать исчерпывающую и достоверную информацию о состоянии очага, а также прогнозировать динамику его развития.

Реализация предложенного алгоритма способствует своевременному выявлению изменений в активности очага и разработке эффективных профилактических мероприятий. Таким образом, представленный подход является важным вкладом в развитие методов микробиологического мониторинга и может быть использован для повышения эффективности эпидемиологического надзора и профилактики инфекционных заболеваний.

В разделе «Заключение» проведён комплексный анализ полученных результатов, их интерпретация осуществляется в контексте современной научной парадигмы, а также акцентируется теоретическая и практическая значимость выполненного исследования. Выводы полностью соответствуют поставленным целям и задачам, сформулированным в диссертационной работе Самойленко И.Е. Они подкреплены достоверными данными, полученными в рамках проведённого исследования, что обеспечивает их научную обоснованность и объективность.

В разделе «Практические рекомендации» автором изложены основные предложения, которые могут заинтересовать исследователей и специалистов в области микробиологии и эпидемиологии.

Автореферат диссертационного исследования Самойленко И.Е. демонстрирует всестороннее освещение заявленной темы, соответствующее содержанию основной работы. В автореферате изложены основные результаты и выводы диссертационного исследования, что позволяет получить исчерпывающее представление о проделанной работе. Текст автореферата подкреплён достаточным объемом иллюстративного материала. Диссертация и автореферат оформлены согласно требованиям ГОСТ 7.0.11.2011.

Таким образом, диссертационное исследование Самойленко И.Е. представляет собой завершённый научный труд, который по своей актуальности, научной новизне и практической значимости полностью соответствует требованиям, предъявляемым к диссертациям, претендующим на степень доктора наук. Работа демонстрирует глубокое понимание автором проблематики, а также высокий уровень методологической компетентности и аналитической проработки.

Таким образом, диссертационная работа Самойленко И.Е. является законченным научным трудом, в которой по актуальности, новизне научной и практической значимости соответствует требованиям, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени доктора наук.

Соответствие специальности

По тематике, методам исследования, научным положениям и выводам диссертационная работа Самойленко И.Е. соответствует паспорту специальности научных работников 1.5.11. – микробиология (медицинские науки): пункты 1 – «Систематика и филогения микроорганизмов», 8 – «Микробная экология и биогеохимия» и 12 – «Патогенные микроорганизмы, факторы вирулентности и патогенности».

Заключение

Докторская диссертация Ирины Евгеньевны Самойленко на тему «Обоснование совершенствования микробиологического мониторинга за природными очагами инфекций, вызываемых риккетсиями и бартонеллами», представленная на соискание ученой степени доктора медицинских наук, является законченным научным трудом, в котором на основании выполненных автором исследований осуществлено решение актуальной научно-практической проблемы в области изучения видовой структуры популяции риккетсий в природных очагах, взаимодействия риккетсий и переносчиков, межвидового взаимодействия риккетсий и его влияния на лоймопотенциал очагов, что имеет важное значение для характеристики

природных очагов и позволило разработать инновационные подходы к совершенствованию микробиологического мониторинга природных очагов клещевых риккетсиозов. Выполненное автором вносит значимый вклад в развитие микробиологии клещевых риккетсиозов.

По актуальности, научной новизне и практической значимости, диссертационное исследование Самойленко Ирины Евгеньевны отвечает требованиям п. 9-14 «Положения о присуждении ученых степеней», утвержденного Постановлением Правительства Российской Федерации № 842 от 24 сентября 2013 года (с изменениями в соответствии с Постановлением Правительства Российской Федерации от 21.04.2016 г. № 335, от 02.08.2016 г. № 748, от 29.05.2017 г. № 650, от 28.08.2017 г. № 1024, от 01.10.2018 г. № 1168, от 26.05.2020 г. № 751, от 20.03.2021 г. № 426, от 10.02.2021 г. № 1539, от 26.09.2022 г. № 1690, от 26.01.2023 г. № 101, от 18.03.2023 г. № 415, от 26.10.2023 г. № 1786, от 25.01.2024 г. № 62, от 16.10.2024 г. № 1382 «О внесении изменений в Положение о присуждении ученых степеней»), которые предъявляются к диссертациям, представляемым на соискание ученой степени доктора медицинских наук, а ее автор, Самойленко Ирина Евгеньевна, заслуживает присуждения ученой степени доктора медицинских наук по специальности 1.5.11 – микробиология.

Официальный оппонент:

заведующий кафедрой микробиологии Федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Ставропольский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации

Адрес: 355017, город Ставрополь, улица Мира, дом 310

Тел. +7 918-866-40-27, e-mail: bazikov@list.ru

доктор медицинских наук, профессор *Базиков* Базиков Игорь Александрович

17.10.2025

Подпись Базикова Игоря Александровича заверяю:

Ученый секретарь Федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Ставропольский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации

доктор медицинских наук, профессор

Климов Леонид Яковлевич