



имени профессора В.Ф. Войно-Ясенецкого" Министерства здравоохранения Российской Федерации в должности доцента. А также в период с 2008 г. по 2013 г. в течение нескольких недель в год проходила стажировку по освоению молекулярно-генетических методов исследования в области микробиологии в отделении бактериологии и контроля за инфекционными заболеваниями Медицинской школы Университета г. Ниигата (Япония), в Международном медицинском образовательно-исследовательском центре (IMERC) г. Ниигата (Япония).

В 2002 г. Хохлова О.Е. окончила Красноярский государственный университет, биологический факультет по специальности «Биология», специализация «Микробиология».

Научные консультанты: доктор медицинских наук, профессор Сидоренко Сергей Владимирович, руководитель отдела молекулярной микробиологии и эпидемиологии Федерального Государственного бюджетного учреждения "Детский научно-клинический центр инфекционных болезней Федерального медико-биологического агентства"; M.D., Ph.D., профессор Ямамото Татсуо, руководитель Международного медицинского образовательно-исследовательского центра (IMERC) г. Ниигата (Япония), руководитель департамента международных связей, заведующий отделением бактериологии и контроля за инфекционными заболеваниями Медицинской школы Университета г. Ниигата (Япония) (до 2012 г. включительно). У соискателя Хохловой О.Е. два научных консультанта в связи с тем, что часть работ, а именно выбор темы диссертационного исследования, планирование научных исследований, формулировка цели и задач, создание и обоснование самого дизайна исследования, проведение аналитического обзора литературы, отработка методик, анализ и систематизация полученных результатов проводились в отделении бактериологии и контроля за инфекционными заболеваниями Медицинской школы Университета г. Ниигата (Япония) и в Международном медицинском образовательно-исследовательском центре (IMERC) г. Ниигата (Япония) совместно с M.D., Ph.D., профессором Ямамото Татсуо; часть работ, а именно выбор темы диссертационного исследования, планирование

научных исследований, формулировка цели и задач, создание и обоснование самого дизайна исследования, проведение аналитического обзора литературы, проведение части экспериментальных работ, анализ и систематизация полученных результатов проводились в Федеральном Государственном бюджетном учреждении "Детский научно-клиническом центре инфекционных болезней Федерального медико-биологического агентства" совместно с д.м.н., профессором Сидоренко Сергеем Владимировичем.

Диссертационная работа Хохловой О.Е. является завершенной научно-квалификационной работой, в которой представлены новые данные о молекулярно-генетических особенностях нозокомиальных и внебольничных MRSA и их роли в развитии инфекционных заболеваний различного генеза, совокупность которых можно квалифицировать как научное достижение и соответствует паспорту специальности 03.02.03 – микробиология.

По итогам обсуждения принято следующее заключение:

#### **Актуальность темы и состояние проблемы**

Среди возбудителей инфекционных заболеваний человека, характеризующихся высоким уровнем резистентности, особое место занимают метициллинрезистентные *S. aureus* (MRSA), вызывающие широкий спектр заболеваний: от легкой и средней степени тяжести поражений кожных покровов до угрожающих жизни пневмоний, сепсиса, синдрома токсического шока. Осложнения, вызванные MRSA, приводят как к увеличению сроков госпитализации и показателей летальности, так и к значительным экономическим потерям. Риск летального исхода возрастает почти в три раза среди пациентов, у которых бактериемия обусловлена MRSA по сравнению с пациентами, инфицированными метициллинчувствительными штаммами *S. aureus*.

MRSA является серьезной проблемой в медицинских учреждениях из-за распространения эпидемических клонов HA-MRSA. Распространены инфекции и во внебольничных условиях, вызванные эпидемическими клонами CA-MRSA. Возникли инфекции, связанные с животноводством, вызванные LA-MRSA. В

разных странах отмечено распространение разных генетических клонов MRSA. Некоторые клональные комплексы MRSA широко распространились во всем мире, к таким относятся CC239 ST239 и CC8 ST8. Информацию о распространении клональных комплексов в одних странах нельзя экстраполировать на другие страны, в частности в РФ. Поэтому крайне актуально выявлять представителей клональных комплексов распространенных на территории Красноярского края РФ и определять их роль в развитии инфекционных заболеваний.

Долгое время препаратом выбора для лечения инфекций, вызванных MRSA, был ванкомицин. Однако с середины 90-х гг. появились штаммы со сниженной чувствительностью к ванкомицину. В 2002 г. были впервые выделены штаммы MRSA, резистентные к ванкомицину. Это послужило стимулом для разработки и внедрения новых анти-MRSA препаратов, таких как оксазолидиноны, глицилциклиды, липопептиды, новые цефалоспорины. Но с момента внедрения их в клиническую практику, появились штаммы, устойчивые к новым анти-MRSA препаратам. При этом профиль антибиотикорезистентности и механизм может варьировать в зависимости от того к какой линии принадлежит MRSA, а также к какому клону он относится. Данные по профилю антибиотикорезистентности штаммов, распространенных за рубежом, могут не совпадать с профилем антибиотикорезистентности штаммов, циркулирующих в Красноярском крае и РФ. Существует критическая потребность в новых стратегиях лечения для борьбы с инфекциями, вызванными MRSA. Таким образом, выявление факторов вирулентности штаммов MRSA, особенностей структурной организации генома, позволяющие повысить вирулентность, выявление механизмов регуляции вирулентности в ответ на среду пребывания, а также выявление механизмов резистентности к антибактериальным препаратам имеет значение для разработки эффективных стратегий лечения и прогноза формирования резистентности в будущем.

Быстрая идентификация различных генетических вариантов штаммов MRSA крайне важна для эпидемиологического контроля распространения и профилактики



инфекций, вызванных MRSA. Особенно важно, если результаты будут получены в реальном времени. Генотипирование штаммов MRSA по типу SCCmec на основе структурных различий применяется в эпидемиологических исследованиях. Фаготипирование первоначально использовалось для формальной типизации изолятов *S. aureus*, но оно постепенно вытеснилось и было заменено на гель-электрофорез в пульсирующем поле (PFGE); последний метод является золотым стандартом для типирования изолятов *S. aureus*. Однако из-за его трудоемкости, продолжительности и достаточно высокой стоимости, а также трудности в обмене данными между лабораториями и требованиями к межлабораторной стандартизации PFGE, данный метод был заменен на генотипирование по генам «домашнего хозяйства» (MLST) и генотипирование стафилококкового белка A (*spa*). Агр типирование было предложено в 2001 г., широко применяется для эпидемиологического расследования и мониторинга MRSA. Коагулазотипирование также используется в эпидемиологии MRSA, при этом помимо серотипирования используется амплификация гена *coa*, основанная на применении ПЦР с праймерами, нацеленными на переменную область коагулазной последовательности. В настоящее время наиболее часто для генотипирования штаммов MRSA проводится типирование SCCmec, *spa* и MLST, при этом эти методы обычно используются совместно с целью обеспечения точности результатов.

Применение полногеномного секвенирования генома бактериальных агентов ознаменовало важный прогресс в клинической микробиологии и эпидемиологии. Однако применение полногеномного секвенирования первого и второго поколений в рутинной диагностике остается ограниченным, в первую очередь, из-за технологических ограничений в получении результатов в сроки, которые могут влиять на лечение и противоэпидемические мероприятия, а также необходимость стандартизированных протоколов и автоматизированной интерпретации данных. Введение секвенирования третьего поколения (например, таких как Oxford Nanopore MinION от Pacific BioSciences и Oxford Nanopore, Oxford, UK, SMRT) привело к более протяженному считыванию последовательностей, охватывающему

повторяющиеся области в бактериальной последовательности и обеспечивающему сборку полного бактериального генома, с меньшей частотой ошибок. Важным преимуществом секвенирования третьего поколения является то, что результаты секвенирования могут быть проанализированы в реальном времени и позволяют идентифицировать микроорганизмы в течение 30 мин, выявлять профиль антибиотикорезистентности в течение 10 часов от начала пробега, что делает этот анализ потенциально полезным для клинической диагностики. Полногеномное секвенирование имеет множество достоинств и имеет значение для изучения популяционной биологии MRSA, а также в расследовании вспышек, вызванных MRSA в стационарах и во внебольничных условиях. Также то, что действительно отличает секвенирование третьего поколения, в частности SMRT от машин второй генерации, является способность напрямую определять эпигенетику MRSA.

Таким образом, имеющиеся на сегодняшний день и применяемые методы изучения молекулярно-генетических особенностей MRSA крайне многочисленны и разнообразны, трудоемки, достаточно дороги, не всегда доступны в клинической диагностике. Разработка доступных методов типирования, применимых в обычной ПЦР-лаборатории и направленных на выявление наиболее часто встречающихся генетических вариантов MRSA, распространенных на территории Красноярского края позволит значительно упростить и удешевить процедуру определения клональной принадлежности штаммов MRSA, а также основного профиля вирулентности и антибиотикорезистентности. Необходимо регулярно проводить мониторинг распространения генетических вариантов, спектра генов вирулентности и механизмов резистентности штаммов MRSA как на территории Красноярского края, так и на территории РФ. Необходимо изучать структуру генома штаммов MRSA в целях определения особенностей и взаимосвязи с тяжестью патологических процессов, вызываемых MRSA, а также прогноза изменчивости генома штаммов.

Следовательно, актуальность исследований молекулярно-генетических особенностей нозокомиальных и внебольничных MRSA и изучение их роли в развитии инфекционных заболеваний различного генеза является очевидной.

Диссертационная работа поддержана краевыми, федеральными и международными грантами: грант JREX «Young Exchange» для прохождения стажировки в Японии (май-июнь 2010 г., октябрь 2010 г.); 2 гранта КГАУ «Красноярский краевой фонд поддержки научной и научно-технической деятельности» (2010 г., 2011 г.); грант ФЦП «Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2007-2012 годы» (мероприятие 1.2 –V очередь); грант ISTC (Международный научно-технический центр) - прохождение стажировки за рубежом Университет г. Ниигата (11.01.2012 - 23.03.2012 г.); грант КГАУ ККФПНиНТД, конкурс социальных и гуманитарных исследований, разработок и инноваций (2012 г.); грант КГАУ ККФПНиНТД, конкурс индивидуальных проектов молодых ученых (2012 г.); грант ФЦП «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009-2013 годы совместно с Тольяттинским государственным университетом (№ гос. регистрации 01201281879); грант КГАУ ККФПНиНТД, конкурс по организации участия студентов, аспирантов и молодых ученых во всероссийских, международных и научных мероприятиях (2013 г.); Государственное задание от Министерства образования РФ, выполнение фундаментальных научных исследований по теме "Молекулярно-генетические исследования в клинической микробиологии и эпидемиологии" (2012-2015 гг.); грант КГАУ «Красноярский краевой фонд поддержки научной и научно-технической деятельности», конкурс авторских коллективов студентов и аспирантов под руководством молодых ученых (2015 г.); грант КГАУ «Красноярский краевой фонд поддержки научной и научно-технической деятельности», конкурс социальных и гуманитарных исследований, разработок и инноваций (2015 г.); Государственное задание Министерства здравоохранения РФ по теме "Молекулярно-генетические основы патогенности и антибиотикорезистентности актуальных нозокомиальных и внебольничных возбудителей гнойно-воспалительных заболеваний различного генеза" (2015-2017 гг., 2017-2019 гг.).

## **Личное участие автора в получении научных результатов, изложенных в диссертации**

Личный вклад автора заключается в персональном участии при определении темы диссертационного исследования, формулировке цели и задач, планирование и выполнении научных исследований, создание и обоснование самого дизайна исследования, проведение аналитического обзора литературы, проведение экспериментальной части работы, анализ и систематизация полученных результатов, создание рукописного варианта диссертации, создание и представление публикаций к печати по основным результатам работы, создание и подача заявок на получение грантов, государственного задания для проведения запланированных работ. Данная диссертация – это обобщение обработанных статистически данных, полученных автором лично и представленных системно и логически обоснованно. Часть исследований выполнена в соавторстве с научными консультантами д.м.н. С.В. Сидоренко и М.Д., Ph.D Т. Ямамото. Отдельные разделы работы выполнены в сотрудничестве с PhD Я. Ивао, к.б.н. О.В. Перьяновой, Н.К. Поткиной, О.Я. Оседко, к.б.н. В.В. Камшиловой, С.В. Яценко, к.м.н. О.В. Тепляковой; к.м.н. А.И. Дробушевской; д.м.н. Д.Э. Здзитовецким, А.И. Мотовой; О.Г. Еремеевой, С.М. Селиным, И.В. Владимиров, к.п.н. О.Б. Завьяловой, Н.В. Бахаревой.

**Достоверность** полученных результатов подтверждается значительным объемом экспериментальных исследований и полученных результатов, проведением исследований на сертифицированном оборудовании с использованием методов исследования, соответствующих современным требованиям и общемировым стандартам с высоким уровнем чувствительности, объективности, а также использование программного обеспечения, необходимого для проведения биоинформационного и статистического анализа экспериментальных данных; показана воспроизводимость результатов в разных условиях экспериментов.

## **Научная новизна**

Научная новизна проведенных исследований состоит в оценке значимости *S. aureus* и MRSA в развитии инфекционных заболеваний разной нозологии. Изучена



микрофлора и ее антибиотикорезистентность, а также роль *S. aureus*, MRSA в развитии ИКМТ, остеомиелита, пневмонии, сепсиса, инфекционных осложнений у онкологических больных. Оценено современное состояние уровня носительства *S. aureus* и MRSA. Установлена частота носительства *S. aureus*, MRSA в популяции практически здоровых жителей г. Красноярска, Красноярского края. Охарактеризована клональная структура штаммов MRSA, выделенных от пациентов с ИКМТ, остеомиелитом, пневмонией, сепсисом, инфекционными осложнениями у онкологических больных г. Красноярска, Красноярского края. Охарактеризована клональная структура штаммов MRSA, выделенных от практически здоровых жителей г. Красноярска, Красноярского края. Получены сведения о генетическом профиле вирулентности и антибиотикорезистентности штаммов MRSA, выделенных от госпитализированных пациентов и здоровых носителей г. Красноярска, Красноярского края. Установлена частота горизонтального переноса мобильных генетических элементов, детерминирующих резистентность к антимикробным препаратам. Получены данные об уровне экспрессии генов вирулентности и регуляторных генов штаммов MRSA, выделенных от госпитализированных пациентов и здоровых носителей г. Красноярска, Красноярского края. Получены данные о полной структуре генома двух штамма MRSA: внебольничного представителя линии ST8, выделенного от больного госпитализированного в стационар г. Красноярска; госпитального представителя линии ST239, выделенного от больного госпитализированного в стационар г. Красноярска. Научно обоснованы возможные механизмы эволюции штаммов MRSA, циркулирующих на территории г. Красноярска и Красноярского края и генетические связи с представителями российской и глобальной популяции. Впервые оценена эпидемическая значимость выделенных штаммов для территории г. Красноярска и Красноярского края, РФ, мира. Разработаны и предложены варианты мультиплексной ПЦР и ПЦР для быстрого скрининга генетических вариантов MRSA, наиболее распространенных в г. Красноярске и Красноярском крае, а также на территории РФ.

## **Практическая и теоретическая значимость работы**

**Теоретическая значимость** исследования заключается в научном обосновании целесообразности постоянного мониторинга распространения MRSA; определения клональной принадлежности; установления роли молекулярно-генетических особенностей штаммов MRSA в развитии инфекционных заболеваний различного генеза. Представленный в работе экспериментально-практический материал является теоретической основой для совершенствования доступных методик выявления клональной принадлежности штаммов MRSA; профилактики, лечения инфекций, вызванных MRSA; исследований эволюции MRSA. Материалы диссертации используются при чтении лекций и проведении практических занятий в обучении студентов ФГБОУ ВО КрасГМУ им. проф. В.Ф. Войно-Ясенецкого Минздрава России, а также при проведении научных семинаров для совершенствования подготовки врачей и бактериологов.

**Практическая значимость.** Настоящее исследование имеет не только фундаментальное, но и выраженное прикладное значение и направлено на разработку современных генетических решений по оптимизации существующих методов определения клональной принадлежности штаммов MRSA, распространенных на территории г. Красноярска, Красноярского края. Разработан и предложен вариант М-ПЦР для детекции принадлежности к варианту ST239 и вариант ПЦР для детекции принадлежности к варианту ST8. Созданные методики более доступны и дешевы по сравнению с методами генотипирования и могут быть внедрены и использованы в клинической практике. Проведенные научные исследования позволили выявить молекулярные мишени, а также эффекторные молекулы, которые могут быть использованы для диагностики, лечения и профилактики заболеваний, вызванных MRSA.

Создана уникальная коллекция штаммов нозокомиальных и внебольничных MRSA, в т.ч. штаммов, которые могут быть использованы как контрольные, в том числе и на международном уровне. Полные последовательности геномов включены в GeneBank: уникальный штамм OC3 - номера доступа GenBank BBKC01000001-

BBKC01000144; уникальный штамм OC8 - номер доступа GenBank AP017377. Полученная научная информация о структуре геномов штаммов MRSA, представителей двух распространенных клональных линий позволяет отслеживать эволюцию глобальных линий MRSA, распространенных во всем мире.

Полученные научные данные о выявлении 10,4 % штаммов MRSA относящихся к hVISA и VISA свидетельствует о необходимости определения МПК к ванкомицину в рутинной практике, в частности, с помощью метода Е-тестов с целью определения возможности использования ванкомицина для лечения инфекций, вызванных MRSA.

Проведенные научные исследования явились важным основанием в оптимизации профилактики и лечения инфекций, вызванных MRSA. Полученные данные о микрофлоре гнойно-воспалительных заболеваний и их антибиотикорезистентности, роли MRSA используются в клинической практике КГБУЗ «Краевая клиническая больница»; КГБУЗ «Красноярская межрайонная клиническая больница скорой медицинской помощи им. Н.С. Карповича»; КГБУЗ «Красноярский краевой клинический онкологический диспансер имени А.И. Крыжановского» при выборе антимикробных препаратов для эмпирической терапии и этиотропной терапии, а также для совершенствования мер профилактики инфекций, вызванных MRSA.

**Полнота изложения материалов диссертации в работах, опубликованных соискателем.** По теме диссертации опубликовано 59 работ, в том числе 23 статьи в журналах, включенных в «Перечень ведущих рецензируемых научных журналов и изданий, в которых должны быть опубликованы основные научные результаты диссертации на соискание ученой степени доктора и кандидата наук». Получен 1 патент на изобретение.

#### **Положения, выносимые на защиту.**

1. Установлено, что уровень носительства MRSA среди здоровых жителей г. Красноярска, Красноярского края составил 0,3 %, это свидетельствует об эпидемиологическом благополучии в плане распространения CA-MRSA.

Установлено, что на фоне снижения доли MRSA в Европейских странах, благодаря проведению жестких противоэпидемических мероприятий, в г. Красноярске, Красноярском крае в 2010-2016 гг. сохранялся достаточно высокий уровень доли MRSA у госпитализированных пациентов - до 62,2 %.

2. Клональная структура популяции MRSA на территории г. Красноярска, Красноярского края представлена двумя доминирующими линиями ST239, ST8, относящиеся к глобальным и двумя минорными линиями ST30, ST12.

3. Наряду со штаммами, относящихся к классическому варианту глобальной линии ST239, на территории г. Красноярска, Красноярского края установлено распространение уникальных вариантов названных ST239<sub>Kras</sub> и ST8<sub>Kras</sub>.

4. Установлено, что штаммы линии ST239, распространенные на территории г. Красноярска, Красноярского относятся к госпитальным HA-MRSA, характеризуются высоким уровнем вирулентности и антибиотикорезистентности, высоким уровнем частоты передачи генов резистентности. Штаммы линии ST8 относятся к внебольничным CA-MRSA, циркулирующим и в стационарах г. Красноярска, Красноярского края, характеризуются высоким уровнем вирулентности с уровнем частоты передачи генов резистентности от  $10^{-4}$  до  $10^{-8}$ .

5. Установлена уникальность структуры геномов двух наиболее распространенных на территории г. Красноярска, Красноярского края и в мире вариантов MRSA ST239<sub>Kras</sub> и ST8<sub>Kras</sub>, что важно как с позиции повышенного уровня вирулентности штаммов MRSA, так и эволюционных изменений.

6. Предложены молекулярные мишени для детекции принадлежности к генетическим вариантам MRSA ST239<sub>Kras</sub> и ST8<sub>Kras</sub>, распространенным на территории г. Красноярска, Красноярского края.

**Соответствие содержания диссертации специальности, по которой она  
рекомендуется к защите**

Диссертационное исследование Хохловой Ольги Евгеньевны посвящено изучению молекулярно-генетических особенностей нозокомиальных и внебольничных MRSA и выявлению их роли в развитии инфекционных заболеваний



различного генеза. Предметом исследования явились метициллинрезистентные *S. aureus*, роль молекулярно-генетических особенностей в развитии различных заболеваний. Теоретической базой диссертационного исследования явились труды отечественных и зарубежных ученых по вопросам носительства *S. aureus*, MRSA, роли данных микроорганизмов в развитии различных инфекционных заболеваний, диагностики, лечения и профилактики инфекций, вызванных MRSA, определения клональной принадлежности MRSA, молекулярно-генетических особенностей MRSA, структуры генома микроорганизмов, вопросам эволюции MRSA. В соответствии с поставленной целью спланирована методология данной работы с применением общенаучных методов и специфических методов, таких как бактериологический, молекулярно-генетические, серологические, биоинформационные и методы статистической обработки результатов.

Выявлена частота встречаемости MRSA среди здоровых жителей г. Красноярска и Красноярского края и больных с разными нозологиями и установлена их роль в развитии заболеваний разного генеза. Определена клональная принадлежность штаммов MRSA, участвующих в развитии заболеваний разного генеза и установлена их эпидемическая значимость. Изучены молекулярно-генетические маркеры вирулентности, гены регуляторы и уровень экспрессии генов вирулентности и регуляторных генов. Изучена антибиотикочувствительность и механизмы резистентности к антимикробным химиопрепаратам штаммов MRSA, выделенных от здоровых жителей и больных г. Красноярска, Красноярского края. Изучена полная структура геномов двух штаммов MRSA, являющихся основными представителями распространенных генетических вариантов, выделенных от больных с внебольничной и госпитальной инфекциями. Определены генетические связи между штаммами MRSA, циркулирующими на территории г. Красноярска и Красноярского края и представителями российской и глобальной популяции; оценена их эпидемическая значимость. Предложены варианты методик быстрого скрининга генетических вариантов MRSA, распространенных в г. Красноярске и Красноярском крае и на территории РФ.

Диссертация Хохловой Ольги Евгеньевны «Молекулярно-генетические особенности нозокомиальных и внебольничных MRSA и их роль в развитии инфекционных заболеваний различного генеза» по комплексу использованных методик и исследованных проблем соответствует специальности 03.02.03 – микробиология и рекомендуется к защите на соискание ученой степени доктора биологических наук.

Диссертационная работа «Молекулярно-генетические особенности нозокомиальных и внебольничных MRSA и их роль в развитии инфекционных заболеваний различного генеза» Хохловой Ольги Евгеньевны полностью соответствует всем требованиям п. 9 «Положения о присуждении ученых степеней», утвержденного Постановлением Правительства РФ № 842 от 24.09.2013 г. (в редакции Постановления Правительства Российской Федерации №335 от 21.04.2016 г.), предъявляемым к докторским диссертациям. Диссертационная работа Хохловой О.Е. соответствует отрасли науки «Биологические науки» и паспорту специальности 03.02.03 - «Микробиология» в областях исследований по пунктам: 1 - Проблемы эволюции микроорганизмов, установление их филогенетического положения, 2 - Выделение, культивирование, идентификация микроорганизмов, 3 - Морфология, физиология, биохимия и генетика микроорганизмов, 4 - Исследование микроорганизмов на популяционном уровне.

Заключение принято на заседании проблемной комиссии «Фундаментальная медицина» Федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования "Красноярского государственного медицинского университета имени профессора В.Ф. Войно-Ясенецкого" Министерства здравоохранения.

Протокол № 3 от 13 июня 2018 г.

Присутствовало на заседании 17 чел.

Результаты голосования: «за» - 17 чел., «против» - нет, «воздержалось» - нет.

Проректор по научной работе, заведующая

кафедрой патологической физиологии им. проф. В.В. Иванова,  
д.м.н., профессор

 Т.Г. Рукша

Председатель проблемной комиссии  
«Фундаментальная медицина», проректор  
по инновационному развитию и международной  
деятельности, заведующая кафедрой биологической  
химии с курсом медицинской, фармацевтической,  
токсикологической химии, руководитель НИИ  
молекулярной медицины и патобиохимии,  
д.м.н., профессор

 А.Б. Салмина

Секретарь проблемной комиссии  
«Фундаментальная медицина», заведующая  
кафедрой микробиологии им. доц. Б.М. Зельмановича,  
руководитель Российско-Японского центра  
микробиологии, метагеномики и инфекционных  
заболеваний, к.б.н., доцент



О.В. Перьянова