

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Кирилла Александровича Шаршова «Экология и генетическое разнообразие вируса гриппа у диких птиц в Азиатской части России (2007-2020)», представленной на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.10 – Вирусология

Общая оценка и актуальность исследования

Диссертационная работа К.А. Шаршова посвящена фундаментальной научной проблеме – экологии и эволюции вируса гриппа А, *Alphainfluenzavirus influenzae* (Articulavirales: Orthomyxoviridae), в популяциях диких птиц. Её актуальность определяется необходимостью создания научно-обоснованных представлений о том, каким образом видовая структура сообществ хозяев, сезонные миграции, географическое положение мест гнездования и зимовок, а также контакты диких и домашних птиц формируют пространственно-временную динамику вирусных популяций. Решение этой задачи имеет самостоятельное теоретическое значение и одновременно служит основой для прогноза эпизоотий, раннего выявления генетических вариантов, опасных в эпидемическом отношении, и совершенствования системы биологической безопасности.

Азиатская часть России занимает особое положение в экологии *A. influenzae* птиц. Огромные гнездовые территории Северной Азии связаны миграционными руслами с Восточной и Южной Азией, Европой и Северной Америкой. В пределах этого пространства перекрываются ареалы и миграционные потоки диких птиц водного и околководного экологического комплексов, возникают зоны сезонной концентрации и межпопуляционных контактов. Поэтому постоянный эколого-вирусологический мониторинг данной территории позволяет исследовать не только локальную циркуляцию вируса, но и процессы обмена генетическим материалом в масштабах континента.

Место работы в научной школе отечественной вирусологии

Представленное в диссертационной работе К.А. Шаршова исследование следует рассматривать в контексте сохранения и развития отечественной школы экологии вирусов (не только вируса гриппа А), сложившейся в СССР ещё в первой половине и достигшей своей расцветки во второй половине XX века. Работы академика Дмитрия Константиновича Львова и сотрудников возглавляемого им в тот период Всероссийского Центра экологии вирусов в НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского РАМН сформировали представление о вирусах как о компонентах природной экосистемы, циркуляция которых определяется отношениями с популяциями хозяев и переносчиков, ландшафтно-географическими условиями и сезонными перемещениями животных. Применительно к вирусам гриппа А принципиальное значение имело установление роли птиц водно-околоводного экологического комплекса в сохранении вирусного генофонда и переносе возбудителей на большие расстояния. Важным этапом становления этого научного направления стало объединение вирусологических и орнитологических подходов. Организация специализированных исследований вирусов, экологически связанных с птицами, экспедиционные обследования различных районов СССР и Северной Евразии, а также обобщение Д.К. Львовым и В.Д. Ильичевым данных в монографии «Миграции птиц и перенос возбудителей инфекции» (1979) заложили методологическую основу комплексного эколого-вирусологического мониторинга. Уже тогда миграционные пути диких птиц рассматривались не как направления механических переносов, а как система последовательно связанных биотопов, в которых меняются состав хозяев, интенсивность контактов и условия сохранения вируса.

Следующий этап отечественных исследований был связан с переходом к анализу популяционной генетики и эволюции вирусов гриппа А. Обобщение многолетних наблюдений в работе Д.К. Львова с соавторами «Экология и эволюция вирусов гриппа в России (1979-2002 гг.)» показало продуктивность длительных

рядов наблюдений для понимания смены вирусных вариантов. В дальнейших публикациях были развиты представления об эволюции высокопатогенного вируса гриппа А (H5N1) в экосистемах Северной Евразии, о формировании генетических вариантов в зонах контакта популяций птиц и о необходимости сочетать полевые наблюдения, пространственный анализ и молекулярно-генетические методы.

Одним из немногих научных коллективов в нашей стране, которые сохраняют традиции отечественной школы экологии вирусов, является Институт вирусологии под руководством профессора Александра Михайловича Шестопалова, в котором и работает диссертант. Работа К.А. Шаршова органично продолжает эту научную линию, заданную предшественниками, на современном методическом уровне. В ней сохранен экосистемный принцип, а молекулярно-генетические методы – полногеномное секвенирование, филогенетический и филогеографический анализ, позволяющие проследить происхождение сегментов генома, реассортационные события и связи между региональными вирусными популяциями – привлекаются ровно в той мере, какая необходима для анализа экологических особенностей циркуляции вируса. Давно я не встречал квалификационной работы, в которой бы автор чётко придерживался принципов вирусологии и не пренебрегал ими в угоду модным сегодня молекулярно-генетическим подходам. В этом отношении диссертация соединяет традицию отечественной полевой экологии вирусов с возможностями биоинформатики.

Научная новизна

Масштаб исследования заслуживает высокой оценки: в 2007-2020 гг. обследовано 34 835 особей диких птиц 269 видов, относящихся к 48 семействам и 20 отрядам. Столь обширный биологический материал позволил автору оценить различия в распространённости вируса между таксонами, сезонами и регионами и избежать вульгарно-упрощенного представления о диких птицах как об экологически однородном резервуаре. Существенно, что статистические

сопоставления проводились с учётом репрезентативности видовых выборок и коррекции множественных сравнений.

Автором охарактеризовано значительное субтипное разнообразие вируса гриппа А: среди исследованных изолятов выявлены 44 комбинации поверхностных белков, установлены устойчивые ассоциации отдельных подтипов гемагглютинина (НА) и нейраминидазы (НА), а также связи субтипов с видами хозяев и географическим положением. Полученные данные раскрывают экологическую неоднородность вирусного генофонда Северной Азии и показывают, что частота встречаемости генетических вариантов определяется сочетанием свойств вируса, структуры популяций хозяев и пространственной организации их сезонного цикла.

Особо значим панорамный анализ 267 полноразмерных геномов. Выделение географически специфичных, субтип-специфичных и видоспецифичных филогенетических групп, выявление внутри- и межконтинентальных реассортаций, а также оценка вклада низкопатогенных вирусов диких птиц в формирование генотипов H5Nx дают содержательную картину эволюционного процесса, который представлен не как линейная смена штаммов, а как динамическая сеть переноса и повторного сочетания геномных сегментов в экологически связанных популяциях.

Значительный интерес имеют результаты по вирусам H6Nx, включая одновременную циркуляцию на Дальнем Востоке генетически различных групп, связанных с классическими евразийскими вирусами диких птиц и вариантами, характерными для домашних птиц Восточной Азии. Эти данные иллюстрируют проницаемость границы между природными и антропогенными экосистемами и подтверждают необходимость совместного изучения диких птиц, птицеводческих хозяйств и окружающей среды. Важны также находки редких подтипов H12 и H14 и предложенная автором реконструкция формирования их генетического разнообразия.

Теоретическое и практическое значение

Теоретический вклад диссертации состоит в развитии представлений о Северной Азии как об одном из ключевых пространств формирования и перераспределения генетического разнообразия вирусов гриппа А птиц. Многолетние данные подтверждают, что гнездовые области, миграционные остановки и зимовки выполняют неодинаковые функции в жизненном цикле вирусных популяций. Соответственно, интерпретация филогенетических связей требует экологического контекста: сведений о сроках миграции, составе сезонных скоплений, возрасте птиц, их миграционном статусе и контактах между популяциями.

Полученные результаты расширяют концептуальную основу эколого-вирусологического мониторинга. Наиболее информативной является не равномерная схема отбора проб, а система наблюдений, ориентированная на ключевые территории, периоды и группы хозяев и при этом обеспечивающая сопоставимость данных между годами. Разработанные автором методические рекомендации, зарегистрированная база данных, коллекция изолятов и предложенные решения по диагностике и секвенированию создают условия для такого долгосрочного мониторинга.

Практический результат работы выходит за рамки обнаружения отдельных штаммов, представляющих интерес в том или ином отношении. Сформированный массив данных может использоваться для распознавания изменений структуры распределения субтипов, появления новых реассортантов и смещения географических паттернов циркуляции. Это особенно важно при изменении климата, ландшафтных условий (в том числе – под действием антропогенного фактора), сроков миграций и состояния водно-болотных угодий, когда исторически сложившиеся связи между популяциями птиц и вирусными вариантами могут перестраиваться.

Достоверность и степень завершенности

Цель и задачи исследования сформулированы последовательно и соответствуют заявленной теме. Диссертация объединяет сбор полевого материала, выделение и субтипирование вирусных штаммов, изучение их фенотипических свойств, полногеномное секвенирование, статистический анализ ассоциаций и реконструкцию филогенетических связей. Такое сочетание методов адекватно сложности исследуемой системы «вирус — хозяин — популяция — территория».

Достоверность выводов обеспечивается продолжительным периодом наблюдений, большим объёмом собранного и проанализированного материала, широким географическим и таксономическим охватом, использованием современных молекулярно-генетических и биоинформационных подходов, а также корректных статистических процедур. Результаты прошли широкую апробацию на российских и международных научных форумах и отражены в значительном числе публикаций.

Автореферат дает целостное представление о логике исследования, его основных результатах и практических разработках.

Замечания и вопросы

Во-первых, бросается в глаза отсутствие видовой идентификации в названии диссертационной работы: не «вирус гриппа», а «вирус гриппа А».

При общей высокой оценке работы следует отметить, что экологическая интерпретация столь обширного материала могла бы быть дополнительно усилена более детализированным анализом неоднородности выборки между регионами, годами и сезонами. Представление стандартизированных показателей интенсивности отбора проб и обсуждение возможного влияния различий в способах отлова и получения материала позволили бы точнее отделить биологические закономерности от особенностей организации мониторинга. Впрочем, данное

замечание относится, скорее, к перспективам последующей разработки уникального массива данных и не снижает обоснованности основных выводов.

В связи с результатами исследования представляется важным задать автору следующие вопросы:

1. Какие из выявленных филогенетических и географических паттернов автор считает наиболее убедительно связанными с конкретными миграционными системами птиц, а какие пока следует трактовать как рабочие гипотезы?
2. Каким образом, по мнению автора, следует объединить вирусологические данные с результатами спутникового мечения, кольцевания, популяционно-генетического анализа птиц и характеристиками водно-болотных угодий, чтобы перейти от выявления ассоциаций к моделированию направлений и вероятности переноса вируса? Каковы перспективы применения здесь методы анализа больших данных?
3. Какие изменения в действующей системе мониторинга необходимы для сохранения сопоставимости с многолетними исследованиями отечественной школы экологии вирусов и одновременно для внедрения метагеномных и полногеномных методов?

Поставленные вопросы имеют, разумеется, дискуссионный характер, подчеркивают перспективность выполненной работы и не влияют на её итоговую положительную оценку. Имеющиеся отдельные неточности и стилистические шероховатости не снижают общего высокого уровня исследования и носят преимущественно технический характер.

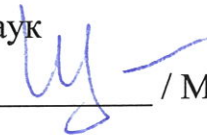
Заключение

Диссертационная работа К.А. Шаршова «Экология и генетическое разнообразие вируса гриппа у диких птиц в азиатской части России (2007-2020)» является завершённым крупным исследованием, обладающим научной новизной, теоретической и практической значимостью. Работа развивает сформированное

отечественной научной школой направление экологии вирусов в экосистемах Северной Евразии с использованием современного методического арсенала.

По актуальности, объёму выполненных исследований, методическому уровню, достоверности результатов и значимости выводов диссертационная работа соответствует критериям и требованиям пунктов 9-14 «Положения о присуждении учёных степеней», утверждённого постановлением Правительства Российской Федерации от 24.09.2013 № 842 (в действующей редакции), а её автор, Кирилл Александрович Шаршов, заслуживает присуждения искомой учёной степени доктора биологических наук по специальности 1.5.10 - Вирусология.

Доктор биологических наук по специальности «Вирусология»,
член-корреспондент Российской академии наук

 / Михаил Юрьевич Щелканов

Директор Федерального государственного бюджетного научного учреждения
«Научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени
Г.П. Сомова» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и
благополучия человека

Почтовый адрес: 690087, Приморский край, г. Владивосток, ул. Сельская, д. 1
Телефон, e-mail: +7(423)244-14-38, niiem_somov@mail.ru

21 сентября 2026 г.

Подпись члена-корреспондента РАН, доктора биологических наук удостоверяю.

Учёный секретарь
ФГБНУ «НИИ эпидемиологии и микробиологии
им. Г.П. Сомова» Роспотребнадзора,
кандидат биологических наук

 / И.Н. Ляпун

