

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА 24.1.037.01,

созданного на базе Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институт биорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук, по диссертации на соискание ученой степени доктора наук

аттестационное дело № \_\_\_\_\_

решение диссертационного совета от 15 июня 2022 г. № 13

О присуждении **Фесенко Игорю Александровичу**, гражданину Российской Федерации, ученой степени доктора биологических наук

Диссертация “**Системный анализ пептидома растений на примере мха *Physcomitrium patens***” по специальности 1.5.3 – “Молекулярная биология” принята к защите 04.03.2022 г. (протокол №7) Диссертационным советом 24.1.037.01, созданным на базе Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институт биорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук (117997, Российская Федерация, г. Москва, ул. Миклухо-Маклая, д. 16/10), действующим на основании Приказов Минобрнауки России № 75/нк от 15.02.2013 г. и № 561 от 03.06.2021 г.

Соискатель **Фесенко Игорь Александрович**, 27 ноября 1979 года рождения. Диссертацию на соискание ученой степени кандидата биологических наук «Организация теломерной ДНК *Allium fistulosum* L.», по специальностям 03.00.23 - Биотехнология и 03.00.15 – генетика защитил в 2005 году, в диссертационном совете Д220.043.10, созданном на базе Московской сельскохозяйственной академии им. К.А. Тимирязева (диплом кандидата наук: серия КТ № 165000). Работает старшим научным сотрудником в лаборатории функциональной геномики и протеомики растений Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институт биорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук. Диссертация выполнена в лаборатории протеомики и лаборатории функциональной геномики и протеомики растений Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институт биорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук. Научный консультант - доктор химических наук, академик Иванов Вадим Тихонович.

Официальные оппоненты:

**Лисица Андрей Валерьевич**, доктор биологических наук, академик Российской академии наук, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Научно-исследовательский институт биомедицинской химии имени В.Н. Ореховича», главный научный сотрудник группы биобанкинга, руководитель Центра научно-практического образования ИБМХ;

**Лось Дмитрий Анатольевич**, доктор биологических наук, профессор, член-корреспондент Российской академии наук, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева Российской академии наук, директор института;

**Макеев Всеволод Юрьевич**, доктор физико-математических наук, профессор, член-корреспондент Российской академии наук, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, заведующий лабораторией системной биологии и вычислительной генетики дали **положительные** отзывы на диссертацию.

Ведущая организация Федеральное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный университет», г. Санкт-Петербург, в своем **положительном** отзыве, подписанном профессором РАН, доцентом кафедры генетики и биотехнологии, д.б.н. Нижниковым Антоном Александровичем, и утвержденном проректором по научной работе, к.ф.-м.н. Микушевым Сергеем Владимировичем, указала, что представленная на рассмотрение диссертационная работа И.А. Фесенко по своей актуальности, научной новизне и практической значимости, полноте описания и достоверности полученных результатов соответствует всем требованиям "Положения о присуждении ученых степеней", утвержденного Постановлением Правительства РФ от 24.09.2013 г. № 842 (с изменениями Постановлений Правительства РФ от: 21.04.2016 г. № 335; 02.08.2016 г. № 748; от 29.05.2017 г. № 650; от 20.03.2021 г. № 426; от 11.09.2021 №1539), предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени доктора наук, а ее автор Фесенко Игорь Александрович заслуживает присуждения искомой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.3 – молекулярная биология.

Соискатель имеет 35 опубликованных работ, в том числе по теме диссертации опубликовано 19 работ общим объемом 33 печ.л. в рецензируемых отечественных и зарубежных научных журналах, входящих в перечень изданий, рекомендуемых Минобрнауки России для опубликования результатов диссертаций. В 8 работах соискатель выступает в качестве первого соавтора, в 10 - последнего соавтора, как руководитель работы. В диссертации отсутствуют недостоверные сведения об опубликованных соискателем ученой степени работах. Наиболее значимые научные работы по теме диссертации, в которые соискатель внес основной, либо существенный вклад:

1. I. Lyapina, V. Ivanov, **I. Fesenko**, Peptidome: Chaos or Inevitability. *Int. J. Mol. Sci.* 22(23), 13128 (2021)
2. **I. Fesenko**, S. A. Shabalina, A. Mamaeva, A. Knyazev, A. Glushkevich, I. Lyapina, R. Ziganshin, S. Kovalchuk, D. Kharlampieva, V. Lazarev, M. Taliansky, E. V. Koonin, A vast

- pool of lineage-specific microproteins encoded by long non-coding RNAs in plants. *Nucleic Acids Res.* 49, 10328–10346 (2021).
3. I. Lyapina, A. Filippova, S. Kovalchuk, R. Ziganshin, A. Mamaeva, V. Lazarev, I. Latsis, E. Mikhalechik, O. Panasenko, O. Ivanov, V. Ivanov, **I. Fesenko**, Possible role of small secreted peptides (SSPs) in immune signaling in bryophytes. *Plant Mol. Biol.* 106, 123–143 (2021).
  4. A. Mamaeva, M. Taliansky, A. Filippova, A. J. Love, N. Golub, **I. Fesenko**, The role of chloroplast protein remodeling in stress responses and shaping of the plant peptidome. *New Phytol.* 227, 1326–1334 (2020).
  5. **I. Fesenko**, R. Azarkina, I. Kirov, A. Kniazev, A. Filippova, E. Grafkskaia, V. Lazarev, V. Zgoda, I. Butenko, O. Bukato, I. Lyapina, D. Nazarenko, S. Elansky, A. Mamaeva, V. Ivanov, V. Govorun, Phytohormone treatment induces generation of cryptic peptides with antimicrobial activity in the Moss *Physcomitrella patens*. *BMC Plant Biol.* 19, 9 (2019).
  6. I. Lyapina, A. Filippova, **I. Fesenko**, The Role of Peptide Signals Hidden in the Structure of Functional Proteins in Plant Immune Responses. *Int. J. Mol. Sci.* 20(18), 4343 (2019).
  7. **I. Fesenko**, I. Kirov, A. Kniazev, R. Khazigaleeva, V. Lazarev, D. Kharlampieva, E. Grafkskaia, V. Zgoda, I. Butenko, G. Arapidi, A. Mamaeva, V. Ivanov, V. Govorun, Distinct types of short open reading frames are translated in plant cells. *Genome Res.* 29, 1464–1477 (2019).
  8. A. Filippova, I. Lyapina, I. Kirov, V. Zgoda, A. Belogurov, A. Kudriaeva, V. Ivanov, **I. Fesenko**, Salicylic acid influences the protease activity and posttranslation modifications of the secreted peptides in the moss *Physcomitrella patens*. *J. Pept. Sci.* 25, e3138 (2019).
  9. I. Kirov, M. Gilyok, A. Knyazev, **I. Fesenko**, Pilot satellitome analysis of the model plant, *Physcomitrella patens*, revealed a transcribed and high-copy IGS related tandem repeat. *Comp. Cytogenet.* 12, 493–513 (2018).
  10. **I. Fesenko**, R. Khazigaleeva, V. Govorun, V. Ivanov, Analysis of Endogenous Peptide Pools of *Physcomitrella patens* Moss. *Methods Mol. Biol.* 1719, 395–405 (2018).
  11. **I. A. Fesenko**, I. V. Kirov, A. A. Filippova, Impact of noncoding part of the genome on the proteome plasticity of the eukaryotic cell. *Russ. J. Bioorganic Chem.* 44, 397–402 (2018).
  12. R. A. Khazigaleeva, **I. A. Fesenko**: Biologically active peptides encoded by small open reading frames. *Russ. J. Bioorganic Chem.* 43(6), 617–624 (2017).
  13. **I. Fesenko**, R. Khazigaleeva, I. Kirov, A. Kniazev, O. Glushenko, K. Babalyan, G. Arapidi, T. Shashkova, I. Butenko, V. Zgoda, K. Anufrieva, A. Seregina, A. Filippova, V. Govorun, Alternative splicing shapes transcriptome but not proteome diversity in *Physcomitrella patens*. *Sci. Rep.* 7, 2698 (2017).
  14. **I. Fesenko**, A. Seregina, G. Arapidi, V. Ptushenko, A. Urban, I. Butenko, S. Kovalchuk, K. Babalyan, A. Knyazev, R. Khazigaleeva, E. Pushkova, N. Anikanov, V. Ivanov, V. M. Govorun, The *Physcomitrella patens* Chloroplast Proteome Changes in Response to Protoplastation. *Front. Plant Sci.* 7, 1661 (2016).
  15. **I. A. Fesenko**, G. P. Arapidi, A. Y. Skripnikov, D. G. Alexeev, E. S. Kostryukova, A. I. Manolov, I. A. Altukhov, R. A. Khazigaleeva, A. V. Seregina, S. I. Kovalchuk, R. H. Ziganshin, V. G. Zgoda, S. E. Novikova, T. A. Semashko, D. K. Slizhikova, V. V. Ptushenko, A. Y. Gorbachev, V. M. Govorun, V. T. Ivanov, Specific pools of endogenous peptides are present in gametophore, protonema, and protoplast cells of the moss *Physcomitrella patens*. *BMC Plant Biol.* 15, 87 (2015).

**На диссертацию и автореферат поступили отзывы:**

1. **Отзыв официального оппонента Лисицы А.В.**, отзыв положительный, содержит следующие замечания: 1. Оппонент задается вопросом, какие существуют способы предсказания биологической активности пептидов и предсказания их пространственно-устойчивой конформации. 2. Есть ряд замечаний к оформлению работы и точности формулировок, в частности очень поверхностно описан анализ с помощью программы hmmsearch. 3. В главе «Анализ консервативности “генных” коротких открытых рамок

считывания» не совсем корректно проведен анализ сравнения доли консервативных "генных" кОПС и 158 маленьких безинтронных белков из аннотации *P.patens*. 4. Оппонент задается вопросом - какой минимальный размер нативных пептидов необходим для формирования стабильных структур?

**2. Отзыв официального оппонента Лося Д.А.,** отзыв положительный, содержит следующие замечания: 1. Оппонент отметил, что повсеместное упоминание «секретома» на полях диссертации не вполне оправдано, поскольку речь идет о всех пептидах и белках, которые обнаруживаются в культуральной жидкости и термин «экзопротеом» был бы в данном случае более корректным. 2. Поскольку функциональный анализ неизвестных молекул является трудной и иногда долго выполнимой работой, оппонент считает, что полноценный функциональный анализ идентифицированных регуляторных пептидов с использованием других модельных растений, вероятно, украсил бы эту многоаспектную работу. 3. Оппонент задается вопросом, следует ли из результатов работы вывод о том, что перед нами открывается непочатый объем работы по функциональной характеристике «деградома» и продуктов трансляции коротких открытых рамок считывания? 4. Имеются ряд замечаний к формулировкам и мелкие неточности в оформлении.

**3. Отзыв официального оппонента Макеева В.Ю.,** отзыв положительный, содержит следующие замечания: 1. Оппонент отметил, что при анализе данных нанопорового секвенирования используется неоправданно низкий порог на качество рида, соответствующего 20% ошибке в определении буквы. 2. На рисунке 4.21, вопреки утверждениям в тексте не удастся разглядеть особого влияния метилжасмоната. 3. Оппонент предполагает, что ошибка перепредсказания при определении кодирующего потенциала коротких рамок считывания выглядит очень высокой и используя данные масс-спектрометрии, чувствительность алгоритма могла быть скорректирована. 4. В работе встречаются опечатки.

**4. Отзыв ведущей организации,** отзыв положительный, содержит следующие замечания: 1. Составители отзыва отмечают, что текст на некоторых рисунках мелкий, а разрешение некоторых из них недостаточно. 2. Автор иногда некорректно использует генетическую терминологию, используя словосочетания “нокаут белка”, “сверхэкспрессия белка” и тд. 3. В работе следовало бы упомянуть нерибосомальные пептиды. 4. Составители отзыва отмечают, что изучение агрегирующей части пептидома растений могло бы иметь существенную значимость в контексте дальнейшего изучения структуры и функций пептидома.

**5. Отзыв на автореферат** заведующего лабораторией протеогеномики Федерального научно-клинического центра физико-химической медицины ФМБА, д.б.н., профессора РАН Мошковского Сергея Александровича. Отзыв положительный, замечаний не содержит.

6. **Отзыв на автореферат** старшего научного сотрудника кафедры биохимии биологического факультета Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, к.б.н. **Клычникова Олега Игоревича**. Отзыв положительный, замечаний не содержит.

7. **Отзыв на автореферат** старшего научного сотрудника НИЛ “Микробные биотехнологии” Института фундаментальной медицины и биотехнологии Казанского федерального университета **Валеевой Лии Рашитовны**. Отзыв положительный, содержит следующие замечания: 1. Какие физико-химические свойства белков рассматривались в качестве критериев для отбора пептидов при изучении функциональной роли пептидов *P. patens*; 2. Изучалась ли в ходе исследования антибактериальная активность нативных внутриклеточного и секретируемого пептидомов растения? 3. Какова природа и происхождение нативных и стресс-индуцируемых пептидов? Можно ли четко разграничить их по механизму происхождения? 4. Проводили ли анализ экспрессии микробелков с применением GUS на протонеме мха.

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обосновывается их достижениями в областях науки, соответствующих теме представленной диссертации. Это подтверждается наличием у них большого количества публикаций в ведущих международных и российских научных журналах и изданиях. Сотрудниками кафедры генетики и биотехнологии Санкт-Петербургского государственного университета ведутся много лет ведутся исследования пептидных гормонов растений. Научные интересы Лисицы А.В. лежат в области биоинформатики и протеомного анализа. Лось Д.А. является специалистом в области физиологии растений. Макеев В.Ю. ведущий специалист в области системной биологии, вычислительной генетики и биоинформатики. Наличие высокой квалификации и большого опыта в указанных областях позволяет оппонентам и представителям ведущей организации объективно оценить научную новизну, теоретическую и практическую значимость диссертационной работы.

Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных Фесенко И.А. исследований разработано новое научное направление – системный анализ пептидомов растительных клеток и получен ряд важных научных результатов:

Была разработана методология исследования нативного пептидома растительных тканей, позволившая идентифицировать новые биологически активные пептиды и выявить неизвестные прежде механизмы их метаболизма. Предложены методы анализа пептидома растений и проведен системный анализ внутриклеточных и секретируемых пептидных пулов растений на примере модельного организма - мха *P. patens*. Доказано, что пептидомы растений тканеспецифичны и состоят из тысяч эндогенных пептидов, среди которых как фрагменты белков-предшественников, так и продукты трансляции коротких открытых рамок считывания. Была разработана концепция «активного управления»

пептидными пулами, согласно которой регуляция протеолиза белков-предшественников в стрессовых условиях напрямую влияет на состав пептидомов и приводит к образованию биологически активных пептидов. Впервые было показано образование из функциональных белков-предшественников в стрессовых условиях пептидов, обладающих антимикробной активностью из функциональных белков-предшественников. На основе разработанных методик впервые было показано наличие в пептидоме растений продуктов трансляции коротких открытых рамок считывания. С учетом полученных результатов доказано, что знания о кодирующем потенциале мРНК являются неполными, и подчеркивают необходимость ре-аннотации растительных протеомов. Кроме того, было показано, что пептиды, кодируемые короткими открытыми рамками считывания (кОРС), расположенными на транскриптах длинных некодирующих РНК вносят существенный вклад в формирование пептидома растений и предложена оригинальная научная гипотеза, согласно которой большинство кОРС являются эволюционно молодыми и могут представлять собой материал для дальнейшей эволюции в функциональные гены. Впервые для растений были разработаны экспериментальные подходы для изучения функции пептидов, кодируемых длнкРНК, включая тех, которые содержат трансмембранные домены и регионы низкой сложности. Функциональный анализ таких пептидов показал, что они участвуют в регуляции роста и дифференцировки тканей. Эти результаты доказывают, что пептиды, кодируемые кОРС являются функционально разнообразным компонентом растительного протеома и прежде неизвестным источником регуляторных молекул. Таким образом, доказана перспективность поиска и функционального анализа этого класса пептидов.

**Теоретическая значимость** исследования обоснована тем, что представленные соискателем результаты позволили изучить базовые принципы формирования пептидных пулов растений, в том числе раскрыты вопросы происхождения и динамики растительного пептидома, а также открыты ранее неизвестные источники регуляторных молекул.

**Значение** полученных соискателем результатов исследования для практики подтверждается тем, что представленные биоинформатические и биохимические протоколы могут быть использованы для предсказания функциональных пептидов, например антибиотиков, у самых разных организмов. Практические рекомендации, сделанные в работе, обоснованы проведенными исследованиями и могут служить отправной точкой для разработки способов использования антистрессовых пептидов в сельском хозяйстве.

Достоверность результатов исследования сомнений не вызывает. Оценка достоверности результатов показала, что работа выполнена на высоком экспериментальном уровне, результаты воспроизводимы в различных условиях, а методы

исследований, предложенные соискателем, прошли независимую проверку и рекомендованы для дальнейших исследований в различных научных учреждениях.

Личный вклад соискателя состоит в том, что он принимал непосредственное участие в планировании и проведении экспериментов. Весь экспериментальный материал был получен лично автором или аспирантами и студентами под его руководством. Анализ полученных данных, а также подготовка основных публикаций по выполненной работе и написание статей проведены лично или при активном участии соискателя.

На основании всего вышеизложенного Диссертационный совет 24.1.037.01 заключает, что диссертационная работа **Фесенко Игоря Александровича** “Системный анализ пептидома растений на примере мха *Physcomitrium patens*”, представленная на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.3 – “Молекулярная биология”, является законченным научно-квалификационным исследованием в области молекулярной биологии, в результате которого были получены новые фундаментальные знания о пептидомах растений, открыты новые биологически активные пептиды. По актуальности, новизне, теоретической и практической значимости, личному вкладу и полноте изложения результатов диссертация полностью отвечает требованиям пп. 9-14 “Положения о присуждении ученых степеней” (утверждено Постановлением Правительства РФ от 24.09.2013 г. № 842 с изменениями Постановлений Правительства РФ от: 21.04.2016 г. № 335; 02.08.2016 г. № 748; от 29.05.2017 г. № 650; 20.03.2021 г. № 426; 11.09.2021 №1539), предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени доктора наук.

В ходе защиты диссертации критических замечаний высказано не было. Были заданы следующие уточняющие вопросы:

1. Выделяли ли вы пептиды для дальнейшего анализа из пептидома или синтезировали?
2. Какое биологическое значение имеет присутствие антимикробных пептидов в секрете растений?
3. Каков механизм антимикробного действия пептидов?
4. Какая РНК-полимераза участвует в транскрипции длинных некодирующих РНК;
5. Вы наблюдаете огромное количество пептидов, а выбрали для проверки антимикробной активности около десяти. Чем Вы руководствовались при выборе этих пептидов?
6. Что Вы называете областью пониженной сложности?
7. У Вас есть замечательная схема, в которой не хватает сигнальных путей, которые приводят к формированию пептидома мха. Потому что известно, что у растений множество сигнальных путей участвует в ответе на стресс. Какие сигнальные пути участвуют в формировании пептидома у мха? В каких сигнальных путях участвуют регуляторные пептиды из пептидома?
8. Доступны ли для вашего объекта данные Ribo-seq, использовали ли Вы их для сравнения с данными масс-спектрометрии?

9. Нет ли тенденции смещения к 5' концу альтернативных рамок считывания, которые перекрываются с белок-кодирующей последовательностью? Каков механизм трансляции таких рамок может существовать?
10. Правильно ли я понимаю, что среди идентифицированных пептидов разного типа, только один процент может обладать функциональной активностью? Или эта величина существенно выше, мы просто не можем этого видеть в силу ограниченности и точности наших методов?
11. Вы говорили о том, что деградация белков происходит определенным образом. То есть какие последовательности из белков становятся пептидами, а остальное деградирует? Известны ли места протеолиза в белках?
12. Вы не пробовали наложить на функциональную структуру белков точки протеолиза? Возможно, участки, экспонированные на поверхности белка будут больше подвержены действию протеаз?
13. Вы говорили, что механизм действия большой популяции пептидов, которые отличаются длиной, своим окружением и имеют разную структуру. Поскольку пептиды неспецифично реагируют с окружением, возможно ли, что они меняют физико-химические свойства раствора?
14. Какие у вас есть предположения, как области с высокой концентрацией пептидов меняют физико-химические свойства окружения и, возможно, передачу сигнала в этом месте?

Соискатель Фесенко И.А. ответил на задаваемые ему в ходе заседания вопросы и привел собственную аргументацию:

1. Для анализа биологической активности мы синтезировали пептиды;
2. Это первая линия защиты растений от патогенов, до того, как началась экспрессия защитных генов, продукция активных форм кислорода. Есть гипотеза, что выщепление из функциональных белков пептидов с антимикробной активностью является древним механизмом защиты клеток от патогенов;
3. Мы это не изучали, но известно, что это встраивание в мембраны бактериальных клеток и формирование пор, что приводит к нарушению их проницаемости;
4. Да, большое количество длинных некодирующих РНК содержит кэп и поли-А хвост;
5. Существуют программы, которые предсказывают антимикробный потенциал пептидов. Мы выбирали пептиды представленность которых растет или они образуются в стрессовых пептидомах и обладающих хорошим антимикробным потенциалом. Это оригинальные, ранее не идентифицированные пептиды;
6. Это участки пониженного разнообразия, где повторяется только одна или несколько аминокислот. Существуют программы для предсказания таких регионов, можно задавать различные параметры поиска таких участков;
7. Мы разделяем пептиды, которые имеют сигнальную функцию, которые сейчас называют фитоцитокинами, участвующие в активации иммунного ответа. Мы считаем, что только единичные из идентифицированных нами пептидов могут обладать сигнальным действием через рецептор. Основное действие идентифицированных нами пептидов связано либо с антимикробной активностью, либо с действием на белки. Хотя наш объект обладает всеми компонентами иммунной системы, найденными у покрытосеменных, мы в своей работе не концентрировались на пептидах, которые действуют через рецептор.



8. Для растений мало данных по секвенированию Ribo-seq, для нашего объекта их нет. Хотя, для человека и животных это одна из основных методик для выявления тех коротких рамок считывания, которые могут транслироваться. При этом масс-спектрометрия напрямую выделяет продукт трансляции короткой рамки считывания, что делает ее более надежным инструментом анализа.
9. Известно два способа трансляции альтернативных рамок считывания – повторная сборка рибосомы и слабое сканирование. Для рамок, расположенных на длинных некодирующих РНК, мы видели бимодальное распределение, для коротких рамок в области белок-кодирующих последовательностей мы не видели таких закономерностей. Мы предполагаем, что механизм может быть схож со слабым сканированием. Мы также показали, что эти рамки скорее выбраковываются в процессе эволюции, потому что, видимо, мешают трансляции основной белок-кодирующей рамки;
10. Несмотря на то, что сложно оценить функциональность пептидов, мы считаем, что большинство пептидов — это некий шум. Неизвестно, в какой момент происходит переключение из нефункционального в функциональный статус. Как происходит, например, эволюция сигнальных пептидов. Возможно, процессов 10-20 могут обладать какими-то функциями. Нужно отметить, что пептидом это лабильная структура, которая реагирует на внешние воздействия. Вполне возможно, что целый пептидом обладает некими свойствами, по аналогии с иммунопептидомом, который связан с комплексом гистосовместимости у животных;
11. Если посмотреть на модели деградации белков, то мы видим определенные области, покрытые 'пептидными лестницами'. Вполне возможно, что эти области выщепляются протеосомой, а дальше в цитоплазме происходит дальнейшая деградация пептидов. В стрессовых условиях начинают деградировать новые области белков. Механизмы протеолиза – или действие протеосом, или работа специализированных протеаз. При этом протеосома обладает четырьмя протеазными активностями и теоретически можно предсказать, где будет происходить протеолиз.
12. Мы делали это для мембранных хлоропластных белков и видели, что мембрана защищает определенные области белка. Для цитоплазматических белков растений не много существует трехмерных структур для такого анализа. Тем более считается, что перед входом в протеасомы белок разворачивается и в таком виде подвергается расщеплению.
13. Да, конечно, это возможно.
14. Да, мы тоже об этом думали. Даже для транскриптов показано, что они могут формировать разные структуры, такие как «капли» и их функция в зависимости от этого меняется. Я думаю, что использование таких методов позволит нам глубже понять функции пептидома. Однако, нужно понимать, что мы видим только пептиды, обладающие определенными характеристиками, которые пригодны для масс-спектрометрического анализа. Следующий этап, это более глубокое понимание, как эти пептиды могут работать.

На заседании 15 июня 2022 г. диссертационный совет постановил: за разработку нового научного направления – системного анализа пептидомов растительных клеток, за решение задач происхождения и динамики растительного пептидома, вносящих значительный вклад в развитие молекулярной биологии, протеомики и физиологии

растений присудить Фесенко Игорю Александровичу ученую степень доктора биологических наук.

При проведении тайного голосования диссертационный совет в количестве 20 человек, из них 6 докторов наук (по специальности рассматриваемой диссертации 1.5.3. - Молекулярная биология), участвовавших в заседании, из 30 человек, входящих в состав совета, проголосовали: за - 20, против - 0, недействительных бюллетеней - 0.

Заместитель председателя  
диссертационного совета

д.ф.-м.н. Ефремов Р.Г.

Ученый секретарь  
диссертационного совета

д.ф.-м.н. Олейников В.А.

16 июня 2022 г.

