

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Матвеева Евгения Викторовича
«Предсказание сайтов протеолиза на основе информации
о пространственной структуре потенциальных субстратов»,
представленной на соискание учёной степени кандидата биологических наук
по специальности 1.5.8 – «математическая биология, биоинформатика»

Работа Евгения Викторовича Матвеева посвящена разработке подхода к прогнозированию протеолитических событий на основе структурных особенностей потенциальных субстратов и специфичности протеолитических ферментов. Обзор литературы имеет чёткую логическую структуру - от раздела с общими представлениями о протеолизе до разделов о существующих методах прогнозирования протеолитических событий и о механизмах протеолитической активации S-гликопротеина коронавируса SARS-CoV-2. Вторая глава исследования посвящена разработке универсальной предсказательной модели, оценивающей уязвимость отдельных пептидных связей к протеолизу на основе структурных характеристик белка. Данная модель продемонстрировала возможность предсказания различной уязвимости структурных элементов белка к протеолизу. Кроме того, качество прогнозирования было существенно улучшено за счёт расширения обучающего набора данных смоделированными структурами из AlphaFoldDB. В работе показано, что сочетание универсальной структурной модели с моделями субстратной специфичности протеаз, представленными в виде позиционно-весовых матриц (PWM), обеспечивает качество прогнозирования протеолитических событий на уровне передовых биоинформатических инструментов. Апробация разработанного подхода, представленная в третьей главе исследования, была проведена на S-гликопротеине коронавируса SARS-CoV-2, активность которого регулируется протеолитическими ферментами TMPRSS2, фурином и катепсином L. В частности, с помощью разработанного подхода удалось спрогнозировать локализацию сайта расщепления катепсином L, который остается предметом научной дискуссии. Примечательно, что с помощью моделей субстратной специфичности протеаз было предсказано участие определённых протеаз в активации S-гликопротеина коронавируса SARS-CoV-2, а также выявлены мутации, повышающие эффективность расщепления известных сайтов протеолиза и зафиксированные в штаммах этого вируса.

Работа выполнена на высоком уровне с соблюдением всех требований, предъявляемых к работам на соискание учёной степени кандидата биологических наук. Актуальность, новизна и потенциальная практическая значимость исследования убедительно обоснованы, задачи выполнены, поставленная цель достигнута. Разработанные модели опубликованы на платформе GitHub, три статьи по результатам работы представлены в рецензируемых научных журналах,

индексируемых Web of Science и Scopus. Таким образом, Евгений Викторович Матвеев обладает необходимыми навыками и квалификацией для присуждения учёной степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 – «Математическая биология, биоинформатика».

Старший научный сотрудник
лаборатории цитогенетики и молекулярной генетики
НМИЦ ДГОИ им. Д. Рогачева,
к.б.н.

Зеркаленкова

Зеркаленкова Елена Александровна

Подпись к.м.н. Зеркаленковой Е.А. заверяю:
ученый секретарь
ФГБУ «НМИЦ ДГОИ им. Дмитрия Рогачева»
Минздрава России
д.м.н.



Блинов Дмитрий Сергеевич
(3Ag023, тел.: 5553)

Сведения об организации:

Федеральное государственное бюджетное учреждение «Национальный медицинский исследовательский центр детской гематологии, онкологии и иммунологии имени Дмитрия Рогачева» Министерства здравоохранения Российской Федерации

ул. Саморы Машела, д. 1, г. Москва, ГСП-7, 117198

Тел.: +7 (495) 287-65-70

E-mail: info@dgoi.ru

Сайт: <https://fnkc.ru/>

Дата: «22» сентября 2025 г.