

Утверждаю
Директор Федерального государственного бюджетного
учреждения науки Федерального исследовательского центра
«Саратовский научный центр Российской академии наук»
(ФИЦ СНЦ РАН)

доктор физико-математических наук

Б.Н. Хлебцов

«31» августа 2026 г.



ОТЗЫВ ВЕДУЩЕЙ ОРГАНИЗАЦИИ

Федерального государственного бюджетного учреждения науки Федерального исследовательского центра «Саратовский научный центр Российской академии наук» на диссертационную работу **Балабановой Ларисы Анатольевны** «Геномный анализ морских гетеротрофных бактерий, продуцентов щелочных фосфатаз. Структура и свойства щелочной фосфатазы семейства PhoA», представленной на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.4. – Биохимия.

Актуальность темы диссертационной работы.

Моря и океаны представляют собой обширную, в значительной степени не исследованную область для выделения новых видов микроорганизмов. Несмотря на общую важность для функционирования морских экосистем, многие аспекты, касающиеся биогеографии, динамики популяций, взаимодействий и эволюции микроорганизмов, остаются неисследованными. В экстремальных условиях повышенного давления, колеблющейся солености и температуры морские обитатели выработали для адаптации уникальные метаболические пути, производя ферменты, обладающие свойствами, отличными от аналогичных ферментов, синтезируемых в наземных условиях. Благодаря раскрытию особенностей генома и развитию технологий морской микробной инженерии и микробной ферментации, морские бактерии и их ферменты рассматриваются как перспективные объекты для использования в медицине, агропромышленном комплексе и других сферах жизнедеятельности человека. Важными представителями внеклеточных ферментов морских микроорганизмов являются щелочные фосфатазы (ЩФ), которые на основании первичной структуры относят к эволюционно независимым семействам

PhoA, PhoX, PhoD и PafA. Эти ферменты участвуют во многих биохимических процессах, связанных с реакциями фосфорилирования/дефосфорилирования, и играют ключевую роль в глобальных геохимических циклах фосфора. На сегодняшний день открытыми остаются вопросы о распространенности генов ЩФ у морских микроорганизмов и их филогенетическом родстве, а также о разнообразии структур и функций данных ферментов для выявления их роли в механизмах межклеточной регуляции биологических процессов. В связи с этим, **цель** настоящего исследования, сформулированная как «сравнительное полногеномное исследование морских гетеротрофных бактерий продуцентов гидролитических ферментов и множественных гомологов щелочных фосфатаз (на примере представителей *Pseudomonadota* и *Bacteroidota*), а также комплексная характеристика щелочных фосфатаз семейства PhoA, направленная на установление их метаболической функции и создание рекомбинантных аналогов для использования в биотехнологии, сельском хозяйстве и медицине» несомненно является актуальной, а полученные результаты вносят значительный вклад в понимание динамики и закономерностей эволюции морских микроорганизмов и расширяют возможности применения ферментов морских бактерий и их рекомбинантных аналогов в биотехнологии, биомедицине и сельском хозяйстве. Цель исследования в полной мере соответствует специальности представленной диссертационной работы 1.5.4. Биохимия.

Задачи исследования адекватны поставленной цели и включают ряд этапов, касающихся анализа данных полногеномного секвенирования изолятов морских гетеротрофных бактерий из различных акваторий Тихого океана, реконструкции метаболических путей и поиска гомологов и ортологов ЩФ структурного семейства PhoA, филогенетического анализа биосинтетических генных кластеров ЩФ, а также получения рекомбинантных аналогов ключевых гидролитических ферментов из некоторых штаммов морских бактерий, в том числе референтной высокоактивной ЩФ структурного семейства PhoA из протеобактерии *Cobetia amphilecti*, для изучения биохимических свойств экспериментах *in vitro*, *in silico*, *in vivo* и *in planta*.

Научная новизна, теоретическая и практическая ценность результатов диссертационного исследования.

В результате применения комплекса данных геномных, пангеномных и фенотипических исследований, анализа метаболических путей и структуры генных кластеров охарактеризовано более 100 новых изолятов, в том числе представителей

гамма-протеобактерий *Cobetia*, *Pseudoalteromonas*, *Vibrio*, альфа-протеобактерии нового рода *Rhodalgimonas*, флавобактерий родов *Arenibacter*, *Polaribacter* и *Flavobacterium* – продуцентов важных в биотехнологическом отношении ферментов, таких как ЩФ, нуклеазы, протеазы, углевод-активные ферменты, а также антибиотиков, иммуносупрессоров, осморегуляторов и защитных пигментов. Полученные данные стали обоснованием для пересмотра таксономической классификации 2-х родов гамма-протеобактерий: *Cobetia*, *Pseudoalteromonas*, и флавобактерий рода *Arenibacter*

Получены приоритетные данные о филогенетическом разнообразии семейств ЩФ среди морских гетеротрофных альфа-протеобактерий *Pseudoalteromonas* spp. и *Rhodalgimonas* sp., гамма-протеобактерий *Moritella* spp. и *Vibrio* spp., и флавобактерий *Arenibacter* spp. и их родстве с ЩФ эукариот. Показано, что для морских гетеротрофных бактерий, ассоциированных с эукариотами, семейство ферментов PhoA является уникальным маркером, специфичным для данного вида или штамма. С использованием авторского специализированного интерактивного приложения Syntenome, разработанного в данном диссертационном исследовании, выявлена регуляторная роль ЩФ PhoA в регуляции окислительного баланса и энергетического метаболизма бактериальной клетки.

Впервые выделена рекомбинантная ЩФ морской бактерии *C. amphilecti* КММ296 (CmAP), показатели удельной активности и каталитической эффективности которой значительно превосходят гомолог из *Escherichia coli*. Установлены первичная структура, построена 3D модель и охарактеризованы биохимические свойства данного фермента, обуславливающие его высокую эффективность и холодовую адаптацию. Установлено, что CmAP является универсальным регулятором энергетического метаболизма у прокариот и эукариот на клеточном уровне.

Практическая значимость диссертационного исследования несомненна и заключается в расширении возможности использования рекомбинантных ферментов морских бактерий для создания бифункциональных гибридных белков и их использовании в тест-системах с целью диагностики онкологических заболеваний и псевдотуберкулеза, а также для мониторинга очистки целевых продуктов и детального исследования их структуры и свойств (на примере лектина CGL из мидии Грея). Предложено использовать высокоактивную ЩФ CmAP в качестве модельного фермента для скрининга ингибиторов ЩФ животных и человека.

На модели *Nicotiana tabacum* разработана система гетерологической экспрессии для получения рекомбинантной ЩФ, не содержащей примесей липополисахаридов. Впервые на данной модели продемонстрированы рост-стимулирующие свойства продуктов экспрессии гена *phoA* и их участие в повышении устойчивости растений в условиях недостатка фосфатов, осмотического и окислительного стресса, обусловленное активацией адаптационных механизмов путем регулирования антиоксидантного статуса растений, экспрессии стресс-индуцируемых генов и метаболического репрограммирования.

Структура и содержание работы

Диссертация построена по традиционной схеме и состоит из введения, обзора литературы, описания объектов и методов исследования, обсуждения результатов, заключения, выводов, списка цитированной литературы, включающего 676 источников, в том числе зарубежных – 642, и приложений. Диссертация изложена на 354 страницах машинописного текста, содержит 100 рисунков и 15 таблиц.

Во **введении** обоснована актуальность проблемы, сформулирована цель диссертационного исследования и его задачи, отражающие основные экспериментальные этапы работы, представлены научная новизна, практическая ценность исследования и положения, выносимые на защиту, приведены сведения об апробации работы на различных научных конференциях и публикациях по теме диссертации.

В главе **Обзор литературы** автор приводит анализ современных данных по экологии и структуре сообществ морских микроорганизмов, акцентируя особое внимание на необходимости их систематики на основании фенотипической и геномной дивергенции путем анализа генных кластеров нуклеотидных и аминокислотных последовательностей. Представлена характеристика морских гетеротрофных микроорганизмов в аспекте метаболического фенотипирования и трофической дифференциации. Особое внимание уделено продукции, свойствам и биотехнологическому потенциалу холодоактивных и солеустойчивых ферментов морских микроорганизмов как возможной стратегии для их экологической адаптации. Заключительная часть обзора посвящена подробной характеристике структурного разнообразия, распространенности, биохимических свойств, генетике биосинтеза и эволюционной изменчивости фосфатаз морских микроорганизмов, выделенных из различных источников, и анализу их биогеохимической роли в циклах

трансформации фосфора. Представленные в обзоре данные не оставляют сомнений в актуальности, новизне и научно-практической значимости проводимого исследования.

Анализируя раздел **Объекты и методы исследований**, следует отметить, что в нем детально отражены материалы, биологические объекты и разнообразные методы исследования (микробиологические, биохимические, молекулярно-генетические, геномные, биоинформатические и статистические). Используемые в диссертации методы исследования подчеркивают ее современный методический уровень, а статистическая обработка полученных данных обуславливает их достоверность.

Следующая глава, включающая шесть разделов, содержит **результаты собственных исследований соискателя и их обсуждение**.

Первый раздел данной главы посвящен геномному, пангеномному и фенотипическому анализу изолированных и коллекционных штаммов морских гетеротрофных гамма-протеобактерий рода *Cobetia*. В результате морфологической, биохимической и физиологической характеристики, анализа состава жирных кислот, полярных липидов и дыхательных хинонов уточнено таксономическое положение штамма КММ 296 как представителя вида *C. amphilecti*, предложено новое описание видов *C. amphilecti* и *C. marina*. Филогенетический и сравнительный анализ полных геномов 36 штаммов бактерий рода *Cobetia*, 10 из которых были секвенированы в данном исследовании, включая 3 типовых штамма и 7 изолятов, и пангеномов позволил провести оценку филогенетических связей данных микроорганизмов и видовую демаркацию близкородственных типовых штаммов, подтвержденную результатами анализа биосинтетических генных кластеров.

Второй раздел включает результаты геномного, пангеномного и фенотипического анализа штаммов морских гетеротрофных гамма-протеобактерий рода *Pseudoalteromonas*. С использованием полифазного подхода, включающего фенотипическую характеристику, исследование состава клеточных жирных кислот изолятов и построения филогенетического дерева 65 типовых штаммов рода *Pseudoalteromonas*, в том числе штамма *Pseudoalteromonas elyakovii* VKPM B-3905^T, секвенированного в настоящей работе, проведена ревизия таксономической структуры рода *Pseudoalteromonas*, предложено измененное описание вида *Pseudoalteromonas distincta* и уточнено филогенетическое положение штамма *P. distincta* 2-2A-13 (=КММ 6257). В результате реконструкции пангенома на основании

данных 21 генома, в том числе 11 доступных геномов вида *P. distincta* (включая последовательность нового штамма 2-2A-13) и 10 типовых штаммов *Pseudoalteromonas* spp., определена генетическая гетерогенность данного рода и подтверждены филогенетические связи между его представителями. Установлено, что *P. arctica* и *P. distincta* представляют собой самостоятельные виды, находящиеся на стадии недавней диверсификации и неполной дивергенции от общего предка. Эти данные подтверждены результатами филогенетического анализа корового генома.

В третьем разделе на основании морфологической, физиологической, хемотаксономической, биохимической характеристик и полногеномного анализа штамма морской бактерии 10Alg 79^T, выделенной из красной водоросли *Ahnfeltia tobuchiensis*, проведено описание нового рода *Rhodalgimonas* gen. nov. с типовым видом *Rhodalgimonas zhirmunskyi* sp. nov. Пангеномный анализ штамма 10Alg 79^T и представителей трех близкородственных родов позволил выяснить генетические особенности рода *Rhodalgimonas*.

В четвертом разделе с использованием методов сравнительной геномики на основании данных 34 геномов, депонированных в базе NCBI, описываются результаты комплексного анализа таксономического положения и биотехнологического потенциала штаммов морских гетеротрофных флавобактерий рода *Arenibacter*.

В пангеномных и полногеномных исследованиях всех упомянутых выше морских микроорганизмов особая роль отведена реконструкции метаболических путей, выявившей преобладание аэробного обмена, дополненного анаэробным дыханием, ассимиляцией CO₂ и Na⁺-транслоцирующими комплексами (R_{sx}/R_{nf}). В результате идентификации соответствующих биосинтетических генных кластеров выявлен потенциал исследуемых микроорганизмов как продуцентов важных в биотехнологическом аспекте метаболитов, являющимися факторами адаптации к занимаемым экологическим нишам. Среди них обнаружены гены, ответственные за биосинтез эктоина, сидерофоров и сульфатированных полисахаридов (у представителей *Cobetia* spp.), нуклеозидов, иммуносупрессоров, антибиотиков (у *Pseudoalteromonas* spp.), углеводов-активных ферментов (у *Pseudoalteromonas* spp. *Arenibacter* spp.), и антимикробных пептидов (у *Arenibacter* spp.). У пигментированных штаммов идентифицированы генные кластеры, ответственные за биосинтез арилполиенов, этерифицированных резорцином.

Пятый раздел главы результатов исследования посвящен филогенетическому анализу и оценке функционального потенциала щелочной фосфатазы семейства PhoA морских гетеротрофных бактерий. Осуществлен поиск гомологов и ортологов референсной последовательности высокоактивной ЩФ CmAP семейства PhoA из *C. amphilecti* KMM 296 среди 36 доступных геномов *Cobetia* spp., продемонстрировавший наличие от 2 до 5 кодирующих последовательностей, принадлежащих к разным структурным семействам ЩФ. Филогенетический анализ гомологов ЩФ *Cobetia* spp. в геномах морских гетеротрофных альфа-протеобактерий *Pseudoalteromonas* spp. и *Rhodalgimonas* sp., гамма-протеобактерий *Moritella* spp. и *Vibrio* spp., и флавобактерий *Arenibacter* spp. выявил высокую штаммо- и видоспецифичную изменчивость систем ЩФ (от 2 до 9 копий), обусловленную адаптацией к различным экологическим нишам. Проведена оценка филогенетического родства ЩФ морских гетеротрофных бактерий с ЩФ других организмов путем поиска гомологов ЩФ *C. amphilecti* среди белков архей, бактерий, водорослей, грибов, растений и животных.

С использованием разработанного веб-приложения Syntenome проведено определение локализации гена ЩФ PhoA в хромосоме и выявлено генное окружение *phoA* в геномах *Cobetia* spp. Установлено, что генный кластер каждой ЩФ-подобной последовательности характеризуется специфическим набором оксидоредуктаз и сопутствующих регуляторных белков, что может указывать на их сопряженную роль в адаптации к стрессовым условиям внешней среды. Показано, что генные кластеры *phoA* локализованы вблизи оперона, кодирующего R_{sx}(R_{nf})-комплекс – систему переноса электронов, сопряженную с транспортом Na⁺ (или H⁺), *phoA* – вблизи систем нейтрализации H₂O₂, а *phoX/pafA* – переносчиков альтернативных субстратов. В результате геномного анализа с использованием программного комплекса gapseq для ЩФ *C. amphilecti* KMM 296 (CmAP) и её гомологов построена тепловая карта полноты метаболических путей и предложена схема участия щелочной фосфатазы PhoA в поддержании редокс-гомеостаза и энергетического баланса у *Cobetia* spp.

В заключительном шестом разделе данной главы приводятся структурно-функциональные особенности ЩФ семейства PhoA морской бактерии *Cobetia amphilecti* и ее рекомбинантных аналогов. Построена 3D-модель мономера ЩФ PhoA бактерии *C. amphilecti* (CmAP), позволившая выявить особенности пространственной структуры и провести исследования механизмов связывания фермента с субстратами

и ингибиторами и установить архитектуру металлсвязывающих сайтов. Для рекомбинантных белков определены оптимумы активности pH и температуры, удельная активность и каталитическая эффективность. В экспериментах по ферментативной кинетике и молекулярному докингу исследована возможность использования ЩФ PhoA *C. amphilecti* КММ 296 CmAP в качестве модельного фермента для скрининга ингибиторов ЩФ животных и человека, в результате которых получены данные о структурных особенностях природных 5-азаиндолов из морской губки *Guitarra fimbriata*, ответственных за их ингибирующую активность в отношении ЩФ CmAP. Изучена возможность получения на основе рекомбинантной мономерной ЩФ CmAP бифункциональных гибридных белков для создания диагностических тест-систем (на примере опухолевых маркеров и порина OmpF бактерии *Yersinia pseudotuberculosis*), очистки белков и детального исследования структуры и свойств (на примере лектина CGL из мидии Грея).

Определена ферментативная активность рекомбинантной ЩФ CmAP бактерии *C. amphilecti* КММ 296 отношении ЛПС *E. coli* O55:B5. Продemonстрировано, что в разработанной модели индуцированного колита у мышей пероральное введение ЩФ семейства PhoA бактерии *C. amphilecti* не приводило к значимому снижению выраженности внешних симптомов заболевания, однако, предотвращало прогрессирующее истощение и гибель животных и способствовало купированию системного воспаления, снижению интенсивности кишечных кровотечений и выраженности патологических изменений в тканях кишечника, а также снижало уровни провоспалительных цитокинов IL-1 β и IL-6 как в ткани толстой кишки, так и в сыворотке крови, аналогично действию кишечной ЩФ человека.

Исследовано регуляторное действие ЩФ семейства PhoA бактерии *C. amphilecti* на процессы биопленкообразования и рост планктонных клеток *Pseudomonas aeruginosa* PAEM, *Bacillus subtilis*, *Salmonella enteritidis* и *Staphylococcus aureus*. Показано, что эффективность фермента зависела от его концентрации, а также от исходной плотности и видовой принадлежности бактериальных культур.

Проведена гетерологичная экспрессия рекомбинантной ЩФ семейства PhoA *C. amphilecti* в растениях *N. tabacum* и исследована ее функциональная роль в условиях абиотического стресса. Установлено, что активность и выход рекомбинантного фермента rCmAP в трансформированных тканях листьев была выше, чем в каллусах. Изучено влияние гетерологичной экспрессии гена *alp*, кодирующего полноразмерный

белок rSmAP с активностью ЩФ PhoA *C. amphilecti*, на физиологические и биохимические показатели растений *N. tabacum* в условиях окислительного и осмотического стресса, дефицита фосфатов и кальция. Транскриптомный анализ выявил значительное повышение в трансгенных линиях уровней мРНК генов, ответственных за ключевые адаптивные механизмы, в том числе активации сигнальных путей АФК (RbohA, RbohB), транспорта фосфата (PHT1), антиоксидантных ферментов (SOD, CAT, APX), систем ионного гомеостаза и транспорта (PIP, NHX), путей биосинтеза вторичных метаболитов: фенилпропаноидов и флавоноидов, стресс-чувствительного гена P5CS, а также снижение уровня транскриптов гена Ca^{2+} -зависимой протеинкиназы CDPK.

В **заклучении** приводятся и анализируются итоги всей работы в целом. В десяти выводах Лариса Анатольевна выделяет наиболее значимые результаты и характеризует перспективы их практического использования, что подтверждает высокое научное и практическое значение диссертации.

Диссертационное исследование производит положительное впечатление. Автором собран и проанализирован обширный массив экспериментальных данных, научная новизна, качество и объем которых соответствуют уровню докторской диссертации. Все поставленные задачи решены в полном объеме, а положения, выносимые на защиту, подтверждены полученными результатами. Результаты работы представлены на многих международных и всероссийских научных конференциях.

Автореферат диссертации полностью соответствует содержанию диссертационной работы. Основные результаты диссертации получены лично автором, что подтверждено списком научных публикаций. Список основных работ по теме диссертации Балабановой Л.А. содержит 43 статьи в научных журналах, рекомендованных ВАК РФ (в том числе 34 статьи в высокорейтинговых международных журналах первого и второго квартилей Q1 и Q2) и одну монографию.

При ознакомлении с текстом диссертации возникли следующие **замечания**:

1. Согласно ГОСТ Р 7.0.11—2011 нумерация глав осуществляется для основной часть диссертации, которая включает обзор литературы, материалы и методы исследования и результаты и их обсуждение. В данной работе пронумерованы все разделы, от введения до списка цитируемой литературы.

2. Информация о молекулярно-генетических манипуляциях и методах представлена в рукописи диссертационной работы фрагментарно в разных разделах.

Иногда эти сведения дублируются или представлены в неполном объеме. Отсутствие самостоятельного раздела, в котором изложены молекулярно-генетические подходы, использованные для клонирования и мутагенеза генов, создания гибридных белков можно отнести к числу недостатков рукописи.

3. По современной номенклатуре ИЮПАК, сокращенные наименования жирных кислот следует приводить без символа «C», например, вместо C10:0 должно быть 10:0, вместо C16:1 ω 7c – 16:1 ω 7 и т.д.

4. Описание данных экспериментов определения цитотоксической активности CmAP на клетки карциномы T-47D и аденокарциномы MDA-MB-231 в разделе 4.6.3. приведено недостаточно подробно.

5. В работе содержится ряд смысловых неточностей, например, на рисунке 28 вместо «фосфоенолпируват» написано «фосфоэнозитолпируват»; на стр. 96 описывается «наложение 3D-структур обоих белков», однако, не указано, каких именно; на странице 261 указана ссылка на рисунок 45, вместо 95. Также в тексте диссертации встречаются опечатки и орфографические ошибки в согласовании падежей и времен, отсутствие курсива в латинских названиях.

В ходе прочтения диссертации возник ряд **вопросов**:

1. Чем обоснован выбор, из всего многообразия видов микроорганизмов в КММ ТИБОХ ДВО РАН, именно бактерий рода *Rhodalgimonas*?

2. Каким образом был осуществлен ПЦР-опосредованный сайт-направленный мутагенез? В разделах рукописи диссертационной работы 3.6 и 3.7.4 указано, что ПЦР-опосредованный сайт-направленный мутагенез осуществлялся, как указано в таблице 5, которая, содержит лишь информацию о праймерах, использованных в работе, и режимах получения ПЦР-продуктов. В разделе 3.6 (Получение рекомбинантных белков), содержащем таблицу 5, информация о методе мутагенеза также не представлена.

3. Чем обусловлено усиление роста биопленки при меньшей плотности бактериальных клеток или некорректно подобранной концентрации фермента ЩФ CmAP? Какой предполагаемый механизм миграции фермента по поверхности сформированного матрикса *P. aeruginosa* в зоны ферментативного гидролиза?

4. Не очень убедительными выглядят отличия от контроля в цитокиновом статусе, а также изменении массы тела и ряда показателей крови экспериментальных мышей с колитом при терапевтическом введении капсул с ЩФ CmAP. Не может ли

это быть результатом стремительного разрушения фермента (учитывая пероральное введение) протеазами ЖКТ?

5. Проводилось ли или планируется экспериментальное изучение активности генов щелочных фосфатаз в клетках *C. amphilecti* КММ 296 (например, влияние инактивации генов или увеличение их дозы в геноме на способность исследуемого штамма адаптироваться в окружающей среде)?

Следует отметить, что высказанные замечания и вопросы не затрагивают существа полученных автором результатов и сделанных в работе выводов, не умаляют общего хорошего впечатления от рецензируемой работы и не снижают высокой оценки представленных результатов.

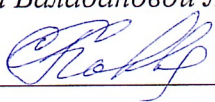
Заключение

Таким образом, диссертация Балабановой Ларисы Анатольевны «Геномный анализ морских гетеротрофных бактерий, продуцентов щелочных фосфатаз. Структура и свойства щелочной фосфатазы семейства PhoA», представленная на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.4. Биохимия, является научно-квалификационной работой, в которой содержится решение важной задачи – комплексной характеристики щелочных фосфатаз семейства PhoA из морских гетеротрофных бактерий, – имеющей существенное значение для биохимии и содержащей обоснование потенциала применения рекомбинантных психрофильных галотолерантных ферментов морских микроорганизмов в биотехнологии, сельском хозяйстве и медицине. Работа представляет собой цельное законченное исследование, которое по актуальности, теоретической и экспериментальной проработке, уровню выполнения работы, объему, новизне, практической значимости и достоверности полученных результатов удовлетворяет требованиям, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени доктора наук, изложенным в п. 9-14 Положения «О порядке присуждения ученых степеней», утвержденного Постановлением Правительства Российской Федерации от 24.09.2013 г. № 842 (в действующей редакции), а также научной специальности и отрасли науки. Автор работы, Балабанова Лариса Анатольевна, несомненно, заслуживает присуждения ей ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.4. Биохимия.

Отзыв о диссертации обсужден и одобрен на расширенном заседании лаборатории биохимии (протокол № 294 от 23.06.2026) с привлечением сотрудников лаборатории генетики микроорганизмов ИБФРМ РАН.

Коннова Светлана Анатольевна, профессор, доктор биологических наук (специальность 03.00.04 – Биохимия), ведущий научный сотрудник лаборатории биохимии Института биохимии и физиологии растений и микроорганизмов – обособленного структурного подразделения Федерального государственного бюджетного учреждения науки Федерального исследовательского центра «Саратовский научный центр Российской академии наук»
410049, г. Саратов, проспект Энтузиастов, 13 телефон +7(8452) 97-04-44

Я, Коннова С.А., даю свое согласие диссертационному совету 24.1.213.01, созданному на базе ФГБУН Тихоокеанский институт биоорганической химии им. Г.Б. Елякова ДВО РАН, на обработку и хранение моих персональных данных в целях оформления и рассмотрения диссертационного дела Балабановой Ларисы Анатольевны

E-mail: konnovasa@yandex.ru  / Коннова С.А./

Шелудько Андрей Вячеславович, доктор биологических наук (специальность 03.02.03 – Микробиология), заведующий лабораторией генетики микроорганизмов Института биохимии и физиологии растений и микроорганизмов – обособленного структурного подразделения Федерального государственного бюджетного учреждения науки Федерального исследовательского центра «Саратовский научный центр Российской академии наук»
410049, г. Саратов, проспект Энтузиастов, 13, телефон +7(8452) 97-04-44

Я, Шелудько А.В., даю свое согласие диссертационному совету 24.1.213.01, созданному на базе ФГБУН Тихоокеанский институт биоорганической химии им. Г.Б. Елякова ДВО РАН, на обработку и хранение моих персональных данных в целях оформления и рассмотрения диссертационного дела Балабановой Ларисы Анатольевны

E-mail: shel71@yandex.ru  / Шелудько А.В./

Подписи Светланы Анатольевны Конновой и Андрея Вячеславовича Шелудько заверяю
Ученый секретарь Федерального государственного бюджетного учреждения науки
Федерального исследовательского центра «Саратовский научный центр Российской академии наук»
к.б.н.  /Селиванова О.Г.

