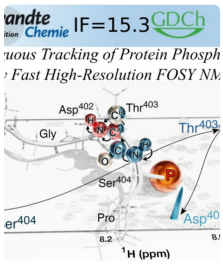
Резюме: Лесовой Дмитрий Михайлович



Адрес

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук, Москва, Россия

Контакты

https://www.ibch.ru/ru/users/753

Образование

2003–2007	Россия, Долгопрудный	МФТИ	кандидат физ.-мат. наук
1997–2003	Россия, Долгопрудный	МФТИ	диплом магистра

Преподавание

2011–наст.вр.	РФ, Долгопрудный, Москва	МФТИ, МГУ(физический факультет, кафедра биофизики)	Обучение студентов и аспирантов МГУ(физический факультет, кафедра биофизики) и МФТИ использованию и созданию современных импульсных последовательностей для ЯМР спектрометров и анализу получаемых данных.
2020–2022	Швеция, Гётеборг	Университет Гётеборга	Проведение лекций и лабораторных работ «Less is more: Focused Spectroscopy (FOSY)» на ежегодных международных курсах повышения квалификации "Biomolecular NMR: An advanced hands-on PhD course"
2016–2018	Польша, Гданьск, Варшава, Познань	Польская Академия Наук	Проведение обучающих семинаров по работе с программами управления ЯМР спектрометрами: «NMR side-chain relaxation» и анализа релаксационных данных.

Работа

2020–2022	РФ, Долгопрудный	МФТИ	с.н.с.

Работа в ИБХ

2024–наст.вр.	Старший научный сотрудник	
2018–2024	Научный сотрудник	

Навыки

FOSY-ЯМР — разработана методика локального отнесение сигналов в “реальном времени”

При исследовании белков, как правило, основной интерес представляют их функционально-активные

участки, которые ответственны за ключевые процессы в каскаде биологических реакций. Метод ЯМР-спектроскопии позволяет на атомном уровне взглянуть на эти процессы, однако, классические подходы неизменно включают стадию полного отнесения сигналов белка, что занимает много приборного и рабочего времени. Это зачастую является «узким местом» в драг-дизайн и существенным сдерживающим фактором для выполнения проекта в кратчайшие сроки. Разрабатываемая с 2018 года в лаборатории биомолекулярной ЯМР-спектроскопии методика FOSY (FOcused SpectroscopY) позволяет преодолеть данные ограничения, проводя отнесение сигналов интересующего участка в течение нескольких часов без последующего трудозатратного анализа полученных спектров. Разработанный подход был высоко оценён профильным сообществом на конференциях ENC, ICMRBS, Euromar, PERM, ISMAR и успешно апробирован коллегами из Швейцарии, Швеции, Испании, США, Греции и Германии.

Владение языками

русский, английский

Научные интересы

Разработка методов построения структурно-динамических моделей (СДМ) белков высокой точности. Экспериментальная составляющая включает оптимизацию и создание новых методик получения информации о конформационном наборе и внутримолекулярной динамики белка при помощи методов ЯМР спектроскопии. Особое внимание уделяется измерению параметров, характеризующих подвижность боковых цепей белка т.к. последние обладают наиболее широким конформационным пространством и непосредственно подвержены эффектам внутри- и меж-молекулярного взаимодействия, что делает их наилучшими сенсорами (в сравнении с основной цепью белка). Теоретическая составляющая СДМ включает модель белка (например, МД-траекторию), которая предоставляет детальную информацию о системе. Рассчитанный на основе этой МД-траектории набор физических измеряемых ЯМР параметров, позволяет провести количественную оценку точности и достоверности теоретической модели.

Аппробация методики осуществлялась на белках, принадлежащих различным классам: водорастворимые глобулярные белки, мембранные белки и природно неструктурированные белки. Для каждого из этих белков был оптимизирован свой набор измеряемых величин, входящий в СДМ. Предпочтение отдавалось количественным оценкам точности модели, характеризующим как энергетическо-конформационный баланс, так и динамику белка.

Работа осуществлялась в рамках руководства проектом РФФИ 1-03-00950 и далее была продолжена как составная часть выполнения работ по грантам РНФ.

Членство в сообществах

Участие в международном сообществе "Biophysical Society", Member ID Number 57295

Степени и звания

	Кандидат наук (Физико-математические науки, 03.00.02 — Биофизика)

Гранты и проекты

2027–наст.вр.	Разработка методик ЯМР-спектроскопии нового поколения для исследования функциональной подвижности белков в пост АльфаФолдную эру
2011–2014	Структурно-динамические модели белков высокой точности, верифицированные при помощи расширенного массива данных ЯМР-спектроскопии

2019–2022	Структурная биология мембранных белков для создания новых лекарственных и диагностических средств
2014–2018	Структурные основы молекулярных механизмов передачи сигнала интегральными мембранными белками I типа

Публикации

1. **Lesovoy D**, Agback T, Roshchin K, Sandalova T, Achour A, Han X, Lomzov A, Orekhov V, Agback P (2026). Loop dynamics govern MALT1 activation revealed by integrative AlphaFold, MD, and NMR analysis. *Sci Rep* 16 (1), , 10.1038/s41598-026-53505-4
2. **Lesovoy D**, Agback T, Roshchin K, Sandalova T, Achour A, Han X, Lomzov A, Orekhov V, Agback P (2025). Insight into Malt1 activation mechanism through synergetic approach of AlphaFold, MD Simulation and NMR dynamic analyses. , , 10.64898/2025.12.17.694852
3. **Lesovoy D**, Roshchin K, Sala BM, Sandalova T, Achour A, Agback T, Agback P, Orekhov V (2025). Accurate Protein Dynamic Conformational Ensembles: Combining AlphaFold, MD, and Amide 15N(1H) NMR Relaxation. *Int J Mol Sci* 26 (18), 8917, 10.3390/ijms26188917
4. Sandalova T, Sala BM, Moche M, Ljunggren HG, Alici E, Henriques-Normark B, Agback T, **Lesovoy DM**, Agback P, Achour A (2024). Crystallographic and NMR Study of Streptococcus pneumonia LCP Protein PsrSp Indicate the Importance of Dynamics in Four Long Loops for Ligand Specificity. *Crystals (Basel)* 14 (12), 1094, 10.3390/cryst14121094
5. Wallerstein J, Han X, Levkovets M, **Lesovoy D**, Malmodin D, Mirabello C, Wallner B, Sun R, Sandalova T, Agback P, Karlsson G, Achour A, Agback T, Orekhov V (2024). Insights into mechanisms of MALT1 allostery from NMR and AlphaFold dynamic analyses. *Commun Biol* 7 (1), 868, 10.1038/s42003-024-06558-y
6. Agback T, **Lesovoy D**, Han X, Lomzov A, Sun R, Sandalova T, Orekhov VY, Achour A, Agback P (2023). Combined NMR and molecular dynamics conformational filter identifies unambiguously dynamic ensembles of Dengue protease NS2B/NS3pro. *Commun Biol* 6 (1), 1193, 10.1038/s42003-023-05584-6
7. Qiu T, Jahangiri A, Han X, **Lesovoy D**, Agback T, Agback P, Achour A, Qu X, Orekhov V (2023). Resolution enhancement of NMR by decoupling with the low-rank Hankel model. *Chem Commun (Camb)* 59 (36), 5475–5478, 10.1039/d2cc06682c
8. Bozin T, Berdyshev I, Chukhontseva K, Karaseva M, Konarev P, Varizhuk A, **Lesovoy D**, Arseniev A, Kostrov S, Bocharov E, Demidyuk I (2023). NMR structure of emfourin, a novel protein metalloprotease inhibitor: insights into the mechanism of action. *J Biol Chem* 299 (4), 104585, 10.1016/j.jbc.2023.104585
9. Jahangiri A, Han X, **Lesovoy D**, Agback T, Agback P, Achour A, Orekhov V (2022). NMR spectrum reconstruction as a pattern recognition problem. *J Magn Reson* 346, 107342, 10.1016/j.jmr.2022.107342
10. Han X, Levkovets M, **Lesovoy D**, Sun R, Wallerstein J, Sandalova T, Agback T, Achour A, Agback P, Orekhov VY (2022). Assignment of IVL-Methyl side chain of the ligand-free monomeric human MALT1 paracaspase-IgL3 domain in solution. *Biomol NMR Assign* 16 (2), 363–371, 10.1007/s12104-022-10105-3
11. Agback P, **Lesovoy DM**, Han X, Sun R, Sandalova T, Agback T, Achour A, Orekhov VY (2022). 1H, 13C and 15N resonance assignment of backbone and IVL-methyl side chain of the S135A mutant NS3pro/NS2B protein of Dengue II virus reveals unique secondary structure features in solution. *Biomol NMR Assign* 16 (1), 135–145, 10.1007/s12104-022-10071-w
12. **Lesovoy DM**, Georgoulia PS, Diercks T, Matečko-Burmann I, Burmann BM, Bocharov EV, Bermel W, Orekhov VY (2021). Unambiguous tracking of protein phosphorylation by fast high-resolution FOSY NMR. *Angew Chem Int Ed Engl* 60 (44), 23540–23544, 10.1002/anie.202102758
13. Bozin TN, Chukhontseva KN, **Lesovoy DM**, Filatov VV, Kozlovskiy VI, Demidyuk IV, Bocharov EV (2021). NMR assignments and secondary structure distribution of emfourin, a novel proteinaceous protease inhibitor. *Biomol NMR Assign* 15 (2), 361–366, 10.1007/s12104-021-10030-x
14. Britikov VV, Britikova EV, Urban AS, **Lesovoy DM**, Le TBT, Van Phan C, Usanov SA, Arseniev AS,

Bocharov EV (2019). Backbone and side-chain chemical shift assignments for the ribosome-inactivating protein trichobakin (TBK). *Biomol NMR Assign* 14 (1), 55–61, 10.1007/s12104-019-09920-y

15. **Lesovoy DM**, Dubinnyi MA, Nolde SB, Bocharov EV, Arseniev AS (2019). Accurate measurement of dipole/dipole transverse cross-correlated relaxation Γ2 in methylenes and primary amines of uniformly 13C/15N-labeled proteins. *J Biomol NMR* 73 (5), 245–260, 10.1007/s10858-019-00252-6
16. **(конференция) Lesovoy DM**, Nolde SB, Dubinnyi MA, Bocharov EV, Mineev KS, Arseniev AS (2018). Assortment and optimization of NMR relaxation techniques for 13CH2, 13CH3 and 15NH2 groups of the protein side chains. *XXVIIIth International conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, University College Dublin, Ireland* , 169–170.
17. Bocharov EV, **Lesovoy DM**, Bocharova OV, Urban AS, Pavlov KV, Volynsky PE, Efremov RG, Arseniev AS (2018). Structural basis of the signal transduction via transmembrane domain of the human growth hormone receptor. *BIOCHIM BIOPHYS ACTA* 1862 (6), 1410–1420, 10.1016/j.bbagen.2018.03.022
18. **(конференция)** Gielnik , Nowakowski , Taube , Zhukov , Kwiatek WM, **Lesovoy DM**, Kozak (2018). Conformational Dynamics of Human Prion Protein and Binding Sites of Zn Cations. *Biophys J* 114 (3), 387, 10.1016/j.bpj.2017.11.2141
19. **Lesovoy DM**, Mineev KS, Bragin PE, Bocharova OV, Bocharov EV, Arseniev AS (2017). NMR relaxation parameters of methyl groups as a tool to map the interfaces of helix–helix interactions in membrane proteins. *J Biomol NMR* 69 (3), 165–179, 10.1007/s10858-017-0146-1
20. **(конференция) Lesovoy DM**, Bocharov EV, Volynsky PE, Mineev KS, Bragin PE, Bocharova OV, Arseniev AS (2016). Methyl 13C relaxation as a sensor of intra- and inter-molecular interactions of membrane proteins. *XXVIIth International conference on Magnetic Resonance in Biological Systems, Kyoto, Japan* , 196.
21. Bocharov EV, **Lesovoy DM**, Pavlov KV, Pustovalova YE, Bocharova OV, Arseniev AS (2016). Alternative packing of EGFR transmembrane domain suggests that protein-lipid interactions underlie signal conduction across membrane. *BIOCHIM BIOPHYS ACTA* 1858 (6), 1254–1261, 10.1016/j.bbamem.2016.02.023
22. **(конференция) Lesovoy DM**, Nolde SB, Bocharov EV, Dubinnyi MA, Arseniev AS (2015). Graphical interpretation of side-chain 13C relaxation data. Applications to verification of theoretical molecular dynamic trajectories and interactions of membrane proteins. , 25.
23. **(конференция) Lesovoy DM**, Nolde SB, Bocharov EV, Lyukmanova EN, Arseniev AS (2014). Protein side chains dynamics in silico verified by NMR experiments. *Euromar 2014* , 368.
24. Mineev KS, **Lesovoy DM**, Usmanova DR, Goncharuk SA, Shulepko MA, Lyukmanova EN, Kirpichnikov MP, Bocharov EV, Arseniev AS (2014). NMR-based approach to measure the free energy of transmembrane helix-helix interactions. *BIOCHIM BIOPHYS ACTA* 1838 (1), 164–172, 10.1016/j.bbamem.2013.08.021
25. Bocharov EV, **Lesovoy DM**, Goncharuk SA, Goncharuk MV, Hristova K, Arseniev AS (2013). Structure of FGFR3 transmembrane domain dimer: Implications for signaling and human pathologies. *Structure* 21 (11), 2087–2093, 10.1016/j.str.2013.08.026
26. Nolde SB, **Lesovoy DM**, Bocharov EV, Lyukmanova EN, Arseniev AS (2012). Evaluating the performance of fixed charge AMBER force fields in modelling of pH-dependent NMR data of Neurotoxin II: Side chains in focus. , 207.
27. **(конференция) Lesovoy DM**, Bocharov EV, Mayzel ML, Goncharuk SA, Goncharuk MV, Volynsky PE, Efremov RG, Arseniev AS (2011). Structural and dynamical model of transmembrane domain of fibroblast growth factor receptor 3. *EUROMAR 2011* , 191.
28. Goncharuk SA, Goncharuk MV, Mayzel ML, **Lesovoy DM**, Chupin VV, Bocharov EV, Arseniev AS, Kirpichnikov MP (2011). Bacterial Synthesis and Purification of Normal and Mutant Forms of Human FGFR3 Transmembrane Segment. *Acta Naturae* 3 (3), 77–84.
29. **Lesovoy DM**, Bocharov EV, Lyukmanova EN, Kosinsky YA, Shulepko MA, Dolgikh DA, Kirpichnikov MP, Efremov RG, Arseniev AS (2009). Specific membrane binding of neurotoxin II can facilitate its delivery to acetylcholine receptor. *Biophys J* 97 (7), 2089–2097, 10.1016/j.bpj.2009.07.037

30. Dubinnyi MA, **Lesovoy DM**, Dubovskii PV, Chupin VV, Arseniev AS (2006). Modeling of31P-NMR spectra of magnetically oriented phospholipid liposomes: A new analytical solution. *Solid State Nucl Magn Reson* 29 (4), 305–311, 10.1016/j.ssnmr.2005.10.009
31. Dubovskii PV, **Lesovoy DM**, Dubinnyi MA, Konshina AG, Utkin YN, Efremov RG, Arseniev AS (2005). Interaction of three-finger toxins with phospholipid membranes: Comparison of S- and P-type cytotoxins. *Biochem J* 387 (3), 807–815, 10.1042/BJ20041814
32. Dubovskii PV, **Lesovoy DM**, Dubinnyi MA, Utkin YN, Arseniev AS (2003). Interaction of the P-type cardiotoxin with phospholipid membranes. 270 (9), 2038–2046, 10.1046/j.1432-1033.2003.03580.x