

# Облікова картка дисертації

## I. Загальні відомості

**Державний обліковий номер:** 0425U000295

**Особливі позначки:** відкрита

**Дата реєстрації:** 24-09-2025

**Статус:** Захищена

**Реквізити наказу МОН / наказу закладу:**



## II. Відомості про здобувача

**Власне Прізвище Ім'я По-батькові:**

1. Лихенко Олександр Костянтинович

2. Oleksandr . K. Lykhenko

**Кваліфікація:**

**Ідентифікатор ORCID ID:** 0000-0003-0109-7775

**Вид дисертації:** кандидат наук

**Аспірантура/Докторантура:** так

**Шифр наукової спеціальності:** 03.00.03

**Назва наукової спеціальності:** Молекулярна біологія

**Галузь / галузі знань:** Не застосовується

**Освітньо-наукова програма зі спеціальності:** Не застосовується

**Дата захисту:** 30-09-2025

**Спеціальність за освітою:** Системи та методи прийняття рішень

**Місце роботи здобувача:** Інститут молекулярної біології і генетики Національної академії наук України

**Код за ЄДРПОУ:** 05417101

**Місцезнаходження:** вул. Академіка Заболотного, буд. 150, Київ, 03143, Україна

**Форма власності:** Державна

**Сфера управління:** Національна академія наук України

**Ідентифікатор ROR:**

### **III. Відомості про організацію, де відбувся захист**

**Шифр спеціалізованої вченої ради (разової спеціалізованої вченої ради):** Д 26.237.01

**Повне найменування юридичної особи:** Інститут молекулярної біології і генетики Національної академії наук України

**Код за ЄДРПОУ:** 05417101

**Місцезнаходження:** вул. Академіка Заболотного, буд. 150, Київ, 03143, Україна

**Форма власності:** Державна

**Сфера управління:** Національна академія наук України

**Ідентифікатор ROR:**

### **IV. Відомості про підприємство, установу, організацію, в якій було виконано дисертацію**

**Повне найменування юридичної особи:** Інститут молекулярної біології і генетики Національної академії наук України

**Код за ЄДРПОУ:** 05417101

**Місцезнаходження:** вул. Академіка Заболотного, буд. 150, Київ, 03143, Україна

**Форма власності:** Державна

**Сфера управління:** Національна академія наук України

**Ідентифікатор ROR:**

### **V. Відомості про дисертацію**

**Мова дисертації:** Українська

**Коди тематичних рубрик:** 34.15

**Тема дисертації:**

1. Спеціалізована база даних з генної експресії у матково-плацентарному комплексі та крові матері й дитини та плацентарний транскриптом упродовж фізіологічного перебігу вагітності
2. A specialized database of gene expression in the uterine-placental complex, maternal and fetal blood, and the placental transcriptome throughout physiological pregnancy.

**Реферат:**

1. Роботу присвячено створенню спеціалізованої бази даних з генної експресії у зразках матково-плацентарного комплексу та крові матері й плода та інтегративному аналізу транскриптому плаценти упродовж нормального перебігу вагітності. Використано відкриті дані з генної експресії, накопичені у репозиторіях Gene Expression Omnibus (GEO) та ArrayExpress для проведення вторинного аналізу об'єднаних однотипних даних, що збільшує об'єм вибірки і статистичну значущість результатів аналізу. Було відібрано, стандартизовано і розширено метадані для зразків в матково-плацентарному комплексі та крові матері й плоду з охарактеризованою генною експресією технологією мікромасивів. Проведно категоризацію метаданих за онтологіями MeSH і EFO і використано програмні засоби Python/Django/Postgres для розробки

і створення спеціалізованої реляційної бази метаданих даних IGEA. База уможливила простий та швидкий відбір датасетів за обраними користувачем характеристиками зразків. Дані генної експресії обраних з бази IGEA датасетів восьми досліджень цілісної тканини плаценти першого, другого та третього триместрів було об'єднано й утворено принципово новий інтегрований датасет. Вперше кількісно охарактеризовано зміни експресії 253 генів між першим і другим та 489 генів між другим і третім триместрами вагітності. Перший часовий інтервал характеризується активними імунними і захисними реакціями, диференціюванням клітин і ростом органу, прозапальними процесами і підтриманням взаємної толерантності у ділянці зіткненням плодової частини плаценти з децидуальною тканиною матері. Другий часовий інтервал характеризується суттєвим зменшенням прозапальних процесів, на заміну яким приходять протизапальні процеси, зменшення проліферативної активності й активності морфогенів і генів комітування та активація метаболічних процесів, характерних для високодиференційованої тканини. У другому триместрі вперше показано й кількісно охарактеризовано переломний момент в експресії численних генів, напрямок експресії від першого до другого триместру змінюється на протилежний від другого до третього триместру. Серед таких генів є, наприклад, поліфункціональний ген лептину (LEP), експресія якого знижується від першого до другого триместру і підвищується від другого до третього триместру. Лептин є потенційним маркером преєклампсії. Переломний момент в експресії генів збігається в часі з першим проявом клінічних симптомів, що не виключає залежності клінічних симптомів від дисфункції генів, напрямок експресії яких різний у першій і другій половині вагітності. Вперше описано чотири універсальні траєкторії ко-експресії генів («Up-Up», «Up-Down», «Down-Down», «Down-Up») та три характерні схеми взаємодії ДЕГів у межах біологічного процесу: взаємне виключення (наприклад, прозапальні хемокін проти гомеостатичних), синергія (активація активаторів морфогенезу з одночасним інгібуванням їх антагоністів та активація інгібіторів призводить до специфічного інгібування активінів і пригнічення морфогенетичних процесів).

2. The study is devoted to the creation of a specialized database of gene expression in samples of the uteroplacental complex and maternal and fetal blood and integrative analysis of the placenta transcriptome during physiological pregnancy. Open gene expression data accumulated in the Gene Expression Omnibus (GEO) and ArrayExpress repositories were used to conduct a secondary analysis of the combined data of the same type, which increases the sample size and statistical significance of the analysis results. The metadata of the gene expression datasets in the uteroplacental complex and maternal and fetal blood using microarray technology were selected, standardized, and expanded. A specialized relational database of IGEA metadata was created for the first time. The database enables quick and straightforward selection of datasets according to the characteristics of the samples selected by the user. Gene expression data from the IGEA database, comprising eight studies of bulk placenta tissue across the first, second, and third trimesters, were combined to form a fundamentally new integrated dataset. For the first time, changes in the expression of 253 genes between the first and second trimesters and 489 genes between the second and third trimesters of pregnancy have been quantitatively characterized. Active immune and protective reactions, cell differentiation and organ growth, pro-inflammatory processes, and maintenance of mutual tolerance in the area of contact of the fetal part of the placenta with the decidual tissue of the mother characterize the first time interval. The second time interval is characterized by a significant decrease in pro-inflammatory processes, which are replaced by anti-inflammatory processes, a decrease in proliferative activity and the activity of morphogens and commitment genes, and the activation of metabolic processes characteristic of highly differentiated tissue. In the second trimester, a turning point in the expression of numerous genes has been shown and quantitatively characterized for the first time; the direction of gene expression from the first to the second trimester changes to the opposite direction from the second to the third trimester. Among such genes is, for example, the polyfunctional leptin gene (LEP), the expression of which decreases from the first to the second trimester and increases from the second to the third trimester. Leptin is a potential marker of preeclampsia, and its protein level is elevated before the onset of clinical symptoms. The turning point in gene expression coincides in time with the first manifestation of clinical symptoms, which does not exclude the dependence of clinical symptoms on the dysfunction of genes, the direction of expression of which is different in the first and second halves of pregnancy. For the first time, four universal trajectories of gene co-

expression (“Up-Up”, “Up-Down”, “Down-Down”, “Down-Up”) and three characteristic patterns of DEG interaction within a biological process have been described: mutual exclusion (for example, pro-inflammatory chemokines versus homeostatic ones), synergy (activation of morphogenesis activators with simultaneous inhibition of their antagonists, and activation of inhibins leads to specific inhibition of activins and suppression of morphogenetic processes). Keywords: placenta, transcriptome, genes, integrative analysis, database, molecular biology, metabolism, immune regulation, angiogenesis, commit genes, morphogens, chemokines.

### **Державний реєстраційний номер ДіР:**

**Пріоритетний напрям розвитку науки і техніки:** Фундаментальні наукові дослідження з найбільш важливих проблем розвитку науково-технічного, соціально-економічного, суспільно-політичного, людського потенціалу для забезпечення конкурентоспроможності України у світі та сталого розвитку суспільства і держави

**Стратегічний пріоритетний напрям інноваційної діяльності:** Впровадження нових технологій та обладнання для якісного медичного обслуговування, лікування, фармацевтики

**Підсумки дослідження:** Нове вирішення актуального наукового завдання

### **Публікації:**

- Lykhenko, O., Frolova, A., & Obolenska, M. (2017). Designing the database for microarray experiments metadata. 2017 IEEE International Young Scientists Forum on Applied Physics and Engineering (YSF). IEEE. doi: 10.1109/YSF.2017.8126658
- Lykhenko, O., Frolova, A., & Obolenskaya, M.(2017). Creation of gene expression database on preeclampsia-affected human placenta. Biopolym. Cell, 33(6), 442–452. doi: 10.7124/bc.000967
- Lykhenko, O., Frolova, A., & Obolenskaya, M. (2021). Consecutive integration of available microarray data for analysis of differential gene expression in human placenta. Biotechnologia Acta 14(1), 38–45. Doi: <https://doi.org/10.15407/biotech14.01.38>
- Lykhenko, O., Frolova, A., & Obolenskaya, M. (2021). Changes in the human placental transcriptome during the physiological course of pregnancy. Biopolym. Cell, 37(1), 73–82. doi: 10.7124/bc.000A4D

**Наукова (науково-технічна) продукція:** методи, теорії, гіпотези; програмні продукти, програмно-технологічна документація; аналітичні матеріали

**Соціально-економічна спрямованість:** поліпшення якості життя та здоров'я населення, ефективності діагностики та лікування хворих; забезпечення промисловості чи населення новим видом інформаційно-комунікаційних послуг

### **Охоронні документи на ОПВ:**

**Впровадження результатів дисертації:** Планується до впровадження

### **Зв'язок з науковими темами:**

## **VI. Відомості про наукового керівника/керівників (консультанта)**

### **Власне Прізвище Ім'я По-батькові:**

1. Оболенська Марія Юріївна
2. Mariya Obolenska

**Кваліфікація:** д. б. н., професор, 03.00.03

**Ідентифікатор ORCID ID:** Не застосовується

**Додаткова інформація:**

**Повне найменування юридичної особи:** Інститут молекулярної біології і генетики Національної академії наук України

**Код за ЄДРПОУ:** 05417101

**Місцезнаходження:** вул. Академіка Заболотного, буд. 150, Київ, 03143, Україна

**Форма власності:** Державна

**Сфера управління:** Національна академія наук України

**Ідентифікатор ROR:**

**VII. Відомості про офіційних опонентів та рецензентів****Офіційні опоненти****Власне Прізвище Ім'я По-батькові:**

1. Сиволоб Андрій Володимирович

2. Andrei V. Sivolob

**Кваліфікація:** д.б.н., професор, 03.00.02

**Ідентифікатор ORCID ID:** Не застосовується

**Додаткова інформація:**

**Повне найменування юридичної особи:** Київський національний університет імені Тараса Шевченка

**Код за ЄДРПОУ:** 02070944

**Місцезнаходження:** вул. Володимирська, буд. 60, Київ, 01033, Україна

**Форма власності:**

**Сфера управління:** Міністерство освіти і науки України

**Ідентифікатор ROR:** Не застосовується

**Власне Прізвище Ім'я По-батькові:**

1. Карпов Павло Андрійович

2. Pavlo A. Karпов

**Кваліфікація:** д. б. н., старший науковий співробітник, 03.00.11

**Ідентифікатор ORCID ID:** Не застосовується

**Додаткова інформація:**

**Повне найменування юридичної особи:** Державна установа "Інститут харчової біотехнології та геноміки Національної академії наук України"

**Код за ЄДРПОУ:** 02128514

**Місцезнаходження:** вул. Байди-Вишневецького, буд. 2-а, Київ, 04123, Україна

**Форма власності:** Державна

**Сфера управління:** Національна академія наук України

**Ідентифікатор ROR:**

**Рецензенти**

## **VIII. Заключні відомості**

**Власне Прізвище Ім'я По-батькові  
голови ради**

Єльська Ганна Валентинівна

**Власне Прізвище Ім'я По-батькові  
головуючого на засіданні**

Корнелюк Олександр Іванович

**Відповідальний за підготовку  
облікових документів**

Крупська І.В.

**Реєстратор**

УкрІНТЕІ

**Керівник відділу УкрІНТЕІ, що є  
відповідальним за реєстрацію наукової  
діяльності**



Юрченко Тетяна Анатоліївна