

Сведения об официальных оппонентах по диссертации Жариковой Анастасии Александровны «Биоинформационный анализ РНК-хроматиновых взаимодействий»

1. **Ф.И.О.:** Орлов Юрий Львович

**Ученая степень:** доктор биологических наук

**Ученое звание:** профессор РАН

**Научная специальность:** 03.01.09 – «Математическая биология, биоинформатика»

**Должность:** профессор кафедры информационных и интернет-технологий

**Место работы:** Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова Министерства здравоохранения Российской Федерации (Сеченовский Университет)

**Адрес места работы:** 119991, Москва, ул. Трубецкая, д. 8, стр. 2.

**Телефон:** +7(495)6091400

**E-mail:** [y.orlov@sechenov.ru](mailto:y.orlov@sechenov.ru)

**Список основных публикаций по теме рецензируемой диссертации в рецензируемых научных изданиях за последние 5 лет:**

1. Wang J., **Orlov Y.L.**, Li X., Zhou Y., Liu Y., Yuan C., Chen M. In situ dissecting the evolution of gene duplication with different histone modification patterns based on high-throughput data analysis in *Arabidopsis thaliana*. // *PeerJ*, 2021; 9:e10426

2. Dergilev, A. I., Orlova, N. G., Dobrovolskaya, O. B., & **Orlov, Y. L.** Statistical estimates of multiple transcription factors binding in the model plant genomes based on ChIP-seq data. // *Journal of integrative bioinformatics*, 2021, 19(1)

3. Orlov Y.L., Baranova A.V., Tatarinova T.V. Bioinformatics Methods in Medical Genetics and Genomics. // *International Journal of Molecular Sciences*. 2020; 21(17):6224.

4. Fedoseeva L.A., Klimov L.O., Ershov N.I., Efimov V.M., Markel A.L., **Orlov Y.L.**, Redina O.E. The differences in brain stem transcriptional profiling in hypertensive ISIAH and normotensive WAG rats. // *BMC Genomics*. 2019; 20(Suppl 3):297

5. Naumenko, F. M., Abnizova, I. I., Beka, N., Genaev, M. A., & **Orlov, Y. L.** Novel read density distribution score shows possible aligner artefacts, when mapping a single chromosome. // *BMC genomics*, 2018, 19(Suppl 3), 92.

2. **Ф.И.О.:** Кулаковский Иван Владимирович

**Ученая степень:** доктор биологических наук

**Научная специальность:** 03.01.09 – «Математическая биология, биоинформатика»

**Должность:** ведущий научный сотрудник

**Место работы:** Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт белка Российской академии наук

**Адрес места работы:** 142290, г. Пущино, ул. Институтская, 4

**Телефон:** +7 (496) 731-84-41

**E-mail:** [ivan.kulakovskiy@vigg.ru](mailto:ivan.kulakovskiy@vigg.ru)

**Список основных публикаций по теме рецензируемой диссертации  
в рецензируемых научных изданиях за последние 5 лет:**

1. Lovering, R. C., Gaudet, P., Acencio, M. L., Ignatchenko, A., Jolma, A., Fornes, O., Kuiper, M., **Kulakovskiy, I. V.**, Lægreid, A., Martin, M. J., & Logie, C. A GO catalogue of human DNA-binding transcription factors // *Biochimica et biophysica acta. Gene regulatory mechanisms*, 2021, 1864(11-12), 194765.
  2. J.A. Ramilowski, C.W. Yip, S. Agrawal, J.-C. Chang, Y. Ciani, **I.V. Kulakovskiy** et al. Functional annotation of human long noncoding RNAs via molecular phenotyping. // *Genome research*, 2020, 30(7):1060-1072.
  3. Ambrosini, G., Vorontsov, I., Penzar, D., Groux, R., Fornes, O., Nikolaeva, D. D., Ballester, B., Grau, J., Grosse, I., Makeev, V., **Kulakovskiy, I.**, & Bucher, P. Insights gained from a comprehensive all-against-all transcription factor binding motif benchmarking study // *Genome biology*, 2020, 21(1), 114.
  4. Sethi, S., Vorontsov, I. E., **Kulakovskiy, I. V.**, Greenaway, S., Williams, J., Makeev, V. J., Brown, S., Simon, M. M., & Mallon, A. M. A holistic view of mouse enhancer architectures reveals analogous pleiotropic effects and correlation with human disease // *BMC genomics*, 2020, 21(1), 754.
  5. **Kulakovskiy, I. V.**, Vorontsov, I. E., Yevshin, I. S., Sharipov, R. N., Fedorova, A. D., Rumynskiy, E. I., Medvedeva, Y. A., Magana-Mora, A., Bajic, V. B., Papatsenko, D. A., Kolpakov, F. A., & Makeev, V. J. HOCOMOCO: towards a complete collection of transcription factor binding models for human and mouse via large-scale ChIP-Seq analysis // *Nucleic acids research*, 2018, 46(D1), D252–D259.
3. Ф.И.О. Медведева Юлия Анатольевна  
Ученая степень: кандидат биологических наук  
Научная специальность: 03.01.03 «Молекулярная биология»  
Должность: старший научный сотрудник, руководитель группы регуляторной транскриптомики и эпигеномики, старший научный сотрудник  
Место работы: Федеральное государственное учреждение «Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук»  
Адрес места работы: 119071 Российская Федерация, г. Москва, Ленинский проспект, дом 33, строение 2  
Телефон: +7 (499) 135-73-19  
E-mail: [medvedeva@biengi.ac.ru](mailto:medvedeva@biengi.ac.ru)

**Список основных публикаций по теме рецензируемой диссертации  
в рецензируемых научных изданиях за последние 5 лет:**

1. Matveishina, E., Antonov, I., & **Medvedeva, Y. A.** Practical Guidance in Genome-Wide RNA:DNA Triple Helix Prediction. // *International journal of molecular sciences*, 2020, 21(3), 830.
2. Bonetti, A., Agostini, F., Suzuki, A. M., Hashimoto, K., Pascarella, G., Gimenez, J., Roos, L., Nash, A. J., Ghilotti, M., Cameron, C., Valentine, M., **Medvedeva, Y. A.**, Noguchi, S., Agirre, E., Kashi, K., Samudyata, Luginbühl, J., Cazzoli, R., Agrawal, S., Luscombe, N. M., Carninci, P. RADICL-seq identifies general and cell type-specific principles of genome-wide RNA-chromatin interactions. // *Nature communications*, 2020, 11(1), 1018.
3. Antonov, I. V., Mazurov, E., Borodovsky, M., & **Medvedeva, Y. A.** Prediction of lncRNAs and their interactions with nucleic acids: benchmarking bioinformatics tools. // *Briefings in bioinformatics*, 2019, 20(2), 551–564.

4. Antonov, I., Marakhonov, A., Zamkova, M., & **Medvedeva, Y.** ASSA: Fast identification of statistically significant interactions between long RNAs. // *Journal of bioinformatics and computational biology*, 2018, 16(1), 1840001.

5. Antonov, I., & **Medvedeva, Y.** A. Purine-rich low complexity regions are potential RNA binding hubs in the human genome. // *F1000Research*, 2018, 7, 76.

Ученый секретарь диссертационного совета МГУ.03.04,

К.Х.Н.

И.В. Шаповалова