

В ДИССЕРТАЦИОННЫЙ СОВЕТ Д 003.011.01,  
созданный на базе ИЦиГ СО РАН

Я, Козлов Константин Николаевич даю согласие выступить официальным оппонентом по диссертации Богомолова Антона Геннадьевича на тему: «Разработка метода визуализации хромосомспецифичных последовательностей ДНК при проведении FISH», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика

О себе сообщаю:

Дата рождения: 22.02.1977

Место рождения: Санкт-Петербург

Место и адрес работы: (с указанием структурного подразделения, включая работу по совместительству)

НИЛ «Математическая биология и биоинформатика» ИПММ ФГАОУ ВО «СПбПУ»

Политехническая ул., д. 29, кор. НИК (АФ), пом. А.3.28,

Санкт-Петербург, 195251

Должность: в.н.с.

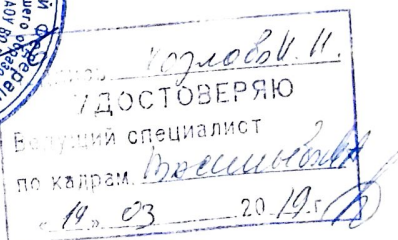
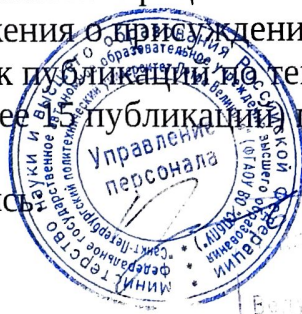
Ученая степень: к.б.н. по специальности 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика

Ученое звание: б/з

Согласен на обработку моих персональных данных. Информирован о том, что отзыв официального оппонента должен быть датирован за 15 дней и выставлен на официальном сайте Института за 10 дней до защиты (п. 23 Положения о присуждении ученых степеней).

Список публикаций по теме оппонируемой диссертации (за последние 5 лет, не более 5 публикаций) прилагается.

Подпись



19.03.2019  
Дата

Публикации:

1. Surkova, S., Sokolkova, A., Kozlov, K., Nuzhdin, S.V., and Samsonova, M. (2019). Quantitative analysis reveals genotype- and domain- specific differences between mRNA and protein expression of segmentation genes in *Drosophila*. *Developmental Biology* 448, 48–58.
2. Ali, S., Signor, S.A., Kozlov, K., and Nuzhdin, S.V. (2019). Novel approach to quantitative spatial gene expression uncovers genetic stochasticity in the developing *Drosophila* eye. *Evolution & Development*.
3. Gursky, V.V., Kozlov, K.N., Nuzhdin, S.V., and Samsonova, M.G. (2018). Dynamical Modeling of the Core Gene Network Controlling Flowering Suggests Cumulative Activation From the FLOWERING LOCUS T Gene Homologs in Chickpea. *Frontiers in Genetics* 9.
4. Л.Ю. Новикова, И.В. Сеферова, К.Н. Козлов, Модельная параметризация времени цветения образцов сои, *Биофизика*, 2018, том 63, вып. 6, с. 1182–1185
5. К.Н. Козлов, Л.Ю. Новикова, И.В. Сеферова, М.Г. Самсонова, Математическая модель влияния климатических факторов на развитие сои, *Биофизика*, 2018, том 63, вып. 1, с. 175–176
6. Gursky, V.V., Kozlov, K.N., Kulakovskiy, I.V., Zubair, A., Marjoram, P., Lawrie, D.S., Nuzhdin, S.V., Samsonova, M.G, Translating natural genetic variation to gene expression in a computational model of the *Drosophila* gap gene regulatory network, *PLoS ONE*, Volume 12, Issue 9, September 2017, Article number e0184657
7. Konstantin Kozlov, Vera Kosheverova, Rimma Kamentseva, Marianna Kharchenko, Alena Sokolkova, Elena Kornilova and Maria Samsonova, Quantitative analysis of the heterogeneous population of endocytic vesicles, 2017, *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, Vol. 15, No. 2 (2017) 1750008
8. A.A. Chertkova, J. S. Schiffman, S. V. Nuzhdin, K. N. Kozlov, M.G. Samsonova, V. V. Gursky, In silico evolution of the *Drosophila* gap gene regulatory sequence under elevated mutational pressure, *BMC Evolutionary biology*, 2017, Volume 17, Pages 1-12, DOI 10.1186/s12862-016-0866y
9. Kozlov Konstantin, Samsonov Alexander M., Samsonova Maria. A software for parameter optimization with Differential Evolution Entirely Parallel method // *PeerJ Computer Science*. — 2016. — August. — Vol. 2. — P. e74. <https://doi.org/10.7717/peerj-cs.74>.
10. Konstantin Kozlov, Vitaly Gursky, Ivan Kulakovskiy, Arina Dymova and Maria Samsonova, Analysis of functional importance of binding sites in the *Drosophila* gap gene network model. *BMC Genomics* 2015, 16(Suppl 13):S7, doi:10.1186/1471-2164-16-S13-S7 Published: 2015.
11. К.Н. Козлов, А.М.Самсонов, М.Г. Самсонова, «Метод полностью параллельной разностной эволюции для адаптации моделей в системной биологии», *БИОФИЗИКА*, 2015, том 60, вып. 6, с. 1219–1220
12. K. Kozlov, D. Chebotarev, M. Hassan, M. Triska, P. Triska, P. Flegontov, and T. Tatarinova, Differential evolution approach to detect recent admixture, *BMC Genomics* 16 (2015), p. S9, Available at <http://www.biomedcentral.com/1471-2164/16/S8/S9>.