

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

Я, Штокало Дмитрий Николаевич, даю согласие выступить официальным оппонентом по диссертации Мустафина Захара Сергеевича на тему: «Разработка комплекса программ для анализа эволюционных характеристик генных сетей», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика.

Место и адрес работы (с указанием структурного подразделения):

Лаборатория моделирования сложных систем,
Институт Систем Информатики им. А.П. Ершова СО РАН
Должность: старший научный сотрудник
Ученая степень: Кандидат физико-математических наук
Ученое звание: нет

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 15 публикаций) прилагается отдельным файлом.

Подпись: Штокало
(заверенная)

15.07.2021г.

Подпись Д.Н. Штокало заверяю
Ученой секретарь ИСИ СО РАН



Бромский /

Список публикаций

1. McCaffrey, T.A., Toma, I., Yang, Z., Katz, R., Reiner, J., Mazhari, R., Shah, P., Tackett, M., Jones, D., Jepson, T., Falk, Z., Wargodsky, R., **Shtokalo, D.**, Antonets, D., Ertle, J., Kim, J., Lai, Y., Arslan, Z., Aledort, E., Alfaraidy M., St.Laurent III, G. **RNA sequencing of blood in coronary artery disease: involvement of regulatory T cell imbalance** // *BMC Med Genomics* 14, 216 (2021). <https://doi.org/10.1186/s12920-021-01062-2>
2. Ufuk Ergun, Bahar Say, Sezen Guntekin Ergun, Ferda Emriye Percin, Levent Inan, Sukran Kaygisiz, Pinar Gelener Asal, Buket Yurteri, Maksim Struchalin, **Dmitry Shtokalo**, Mehmet Ali Ergun. **Genome-wide association and whole exome sequencing studies reveal a novel candidate locus for restless legs syndrome** // *European Journal of Medical Genetics*. V64(4), April 2021. <https://doi.org/10.1016/j.ejmg.2021.104186>
3. McCaffrey TA, St Laurent G 3rd, **Shtokalo D**, Antonets D, Vyatkin Y, Jones D, Battison E, Nigg JT. **Biomarker discovery in attention deficit hyperactivity disorder: RNA sequencing of whole blood in discordant twin and case-controlled cohorts** // *BMC Med Genomics*. 2020 Oct 28;13(1):160. doi: 10.1186/s12920-020-00808-8. PMID: 33115496; PMCID: PMC7594430.
4. N Russkikh, D Antonets, **D Shtokalo**, A Makarov, Y Vyatkin, A Zakharov, E Terentyev. **Style transfer with variational autoencoders is a promising approach to RNA-Seq data harmonization and analysis** // *Bioinformatics*, 2020 July. btaa624, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa624>
5. Antonets, D., Russkikh, N., Sanchez, A., Kovalenko, V., Bairamova, E., **Shtokalo, D.**, Medvedev, S., Zakian, S. **CellCountCV—A Web-Application for Accurate Cell Counting and Automated Batch Processing of Microscopic Images Using Fully Convolutional Neural Networks** // *Sensors* 2020, 20, 3653.
6. Воропаева Е.Н., Поспелова Т.И., Максимов В.Н., Березина О.В., Карпова В.С., Рзаев Д.А., Колесникова М.А., Вяткин Ю.В., **Штокало Д.Н.**, Баширзаде К.А., Иванова А.А., Мельникова Е.С., Гуражева А.А. **Мутации в генах ARID1A и SMARCA4 при рецидивах диффузной в-крупноклеточной лимфомы с поражением ЦНС** // Медицинская генетика. 2020. Т. 19. № 6 (215). С. 90-92.
7. Sherstyuk VV, Davletshina GI, Vyatkin YV, **Shtokalo DN**, Vlasov VV, Zakian SM. **A New MicroRNA Cluster Involved in the Reprogramming to a Pluripotent State** // *Acta Naturae*. 2019 Apr-Jun;11(2):92-97. doi: 10.32607/20758251-2019-11-2-92-97
8. Dementyeva EV, Medvedev SP, Kovalenko VR, Vyatkin YV, Kretov EI, Slotvitsky MM, **Shtokalo DN**, Pokushalov EA, Zakian SM. **Applying Patient-Specific Induced Pluripotent Stem Cells to Create a Model of Hypertrophic Cardiomyopathy** // *Biochemistry (Mosc)*. 2019 Mar; 84(3):291-298. doi:10.1134/S0006297919030118
9. St. Laurent G, Toma I, Seilheimer B, Tackett M, Zhou J, Ri M, **Shtokalo D**, Vyatkin Y, Jepson T, Cesnulevicius K, McCaffrey T. **THU0021 Differential effects of tr14 versus diclofenac on cox/lox pathways revealed by RNASeq** // *Annals of the Rheumatic Diseases* 2018;77:238-239
10. Anisimenko M.S., Paul G.A., Kozyakov A.E., Gutkina N.I., Berdyugina D.A., Garanin A.Y., Butorina A.V., Gornostaeva E.V., Khafizov K.F., Vyatkin Y.V., **Shtokalo D.N.**, Kovalenko S.P. **The spectrum of BRCA1 gene mutations in early onset breast cancer patients from Russia** // *Siberian journal of oncology*. 2018;17(4):53-58. <https://doi.org/10.21294/1814-4861-2018-17-4-53-58> (in Russian).
11. Sherstyuk V.V., Medvedev S.P., Ri M.T., Vyatkin Y.V., Saik O.V., **Shtokalo D.N.**, Zakian S.M. **The search for microRNAs potentially involved in the self-renewal maintaining of laboratory rat pluripotent stem cells** // *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selekcii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2018;22(2):179-186. DOI 10.18699/VJ18.345 (in Russian).
12. V.Sherstyuk, S.Medvedev, E.Elisaphenko, E.Vaskova, M.Ri, Y.Vyatkin, O.Saik, **D.Shtokalo**, E.Pokushalov, S.Zakian. **Genome-wide profiling and differential expression of microRNA in rat pluripotent stem cells** // *Scientific reports*. 2017 Jun 5;7(1):2787. doi: 10.1038/s41598-017-02632-0.

13. G.St Laurent III, B. Seilheimer, M. Tackett, J. Zhou, **D. Shtokalo**, Y. Vyatkin, P. Kapranov, I. Toma, T. McCaffrey. **Deep sequencing transcriptome analysis of the effect of traumeel versus diclofenac therapeutic action in wound healing** // *Annals of the Rheumatic Diseases*. V.76. P.202. June 2017. DOI: 10.1136/annrheumdis-2017-eular.4964

14. St. Laurent G III, Seilheimer B, Tackett M, Zhou J, **Shtokalo D**, Vyatkin Y, Ri M, Toma I, Jones D and McCaffrey TA. **Deep Sequencing Transcriptome Analysis of Murine Wound Healing: Effects of a Multicomponent, Multitarget Natural Product Therapy-Tr14**. // *Front. Mol. Biosci.* 4:57. 2017. doi: 10.3389/fmolb.2017.00057.

15. G. St. Laurent, Y. Vyatkin, D. Antonets, M. Ri, Y. Qi, O. Saik, **D. Shtokalo**, M. J.L. de Hoon, H. Kawaji, M. Itoh, T. Lassmann, E. Arner, A.R.R. Forrest, The FANTOM consortium, E. Nicolas, T.A. McCaffrey, P. Carninci, Y. Hayashizaki, C. Wahlestedt, and P. Kapranov. **Functional annotation of the vlinc class of non-coding RNAs using systems biology approach** // *Nucl. Acids Res.* (2016) doi: 10.1093/nar/gkw162.