

ФАНО РОССИИ



Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук (ИОГен РАН)

ул. Губкина, д. 3, г. Москва, ГСП-1, 119991
Тел.: (499) 135-62-13, (499) 135-20-41
Факс: (499) 132-89-62

E-mail: iogen@vigg.ru
http: www.vigg.ru

31.05.2018 №112-01-25/398

На № _____

В диссертационный совет Д 003.011.01

ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр
Институт цитологии и генетики СО РАН»

академику РАН Шумному В.К.

Сведения о ведущей организации

по диссертации на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности
03.01.09 – математическая биология, биоинформатика **Сайк Ольги Владимировны** на тему:
«Выявление ассоциативных связей между заболеваниями и генетической регуляцией
метаболических процессов на основе автоматического анализа текстов и баз данных».

Полное наименование организации:	Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук
Сокращенное наименование организации:	ИОГен РАН
Место нахождения:	Россия, г. Москва
Почтовый адрес с индексом:	119991, ГСП-1, г. Москва, ул. Губкина, д. 3
Телефон:	+7 (499) 135-62-13
e-mail:	iogen@vigg.ru
Фамилия, имя, отчество, ученая степень, ученое звание, должность руководителя ведущей организации:	Кудрявцев Александр Михайлович, доктор биологических наук, директор ИОГен РАН
Адрес официального сайта в сети «Интернет» (при наличии):	http://vigg.ru
Лаборатории, Кафедры или другие научные подразделения, деятельность которых связана с научным направлением диссертации:	Отдел вычислительной системной биологии, Лаборатория системной биологии и вычислительной генетики, заведующий лабораторией, д.ф.-м.н., член-корреспондент РАН Всеволод Юрьевич Макеев, e-mail:

Список основных публикаций работников ведущей организации по теме диссертации в рецензируемых изданиях за последние 5 лет (не более 15 публикаций) прилагается.

1. Петров С.Н., Урошлев Л.А., Касьянов А.С., Makeev В.Ю. Эффективный алгоритм картирования прочтений на геномный граф с использованием индекса, основанного на хэш-таблицах, и динамического программирования // Биофизика. 2018. Т. 63. № 3. С. 421-429.
2. Kulakovskiy IV, Vorontsov IE, Yevshin IS, Sharipov RN, Fedorova AD, Rumynskiy EI, Medvedeva YA, Magana-Mora A, Bajic VB, Papatsenko DA, Kolpakov FA, Makeev VJ. HOCOMOCO: towards a complete collection of transcription factor binding models for human and mouse via large-scale ChIP-Seq analysis // Nucleic acids research. – 2017. – Т. 46. – №. D1. – С. D252-D259.
3. de Rie D, Abugessaisa I, Alam T, Arner E, Arner P, Ashoor H, Åström G, Babina M, Bertin N, Burroughs AM, Carlisle AJ, Daub CO, Detmar M, Deviatiiarov R, Fort A, Gebhard C, Goldowitz D, Guhl S, Ha TJ, Harshbarger J, Hasegawa A, Hashimoto K, Herlyn M, Heutink P, Hitchens KJ, Hon CC, Huang E, Ishizu Y, Kai C, Kasukawa T, Klinken P, Lassmann T, Lecellier CH, Lee W, Lizio M, Makeev V, ... de Hoon MJL. An integrated expression atlas of miRNAs and their promoters in human and mouse // Nat Biotechnol. 2017 Sep; 35(9): 872-878.
4. Vorontsov IE, Khimulya G, Lukianova EN, Nikolaeva DD, Eliseeva IA, Kulakovskiy IV, Makeev VJ. Negative selection maintains transcription factor binding motifs in human cancer // BMC genomics. – 2016. – Т. 17. – №. 2. – С. 395.
5. Kulakovskiy IV, Vorontsov IE, Yevshin IS, Soboleva AV, Kasianov AS, Ashoor H, Ba-Alawi W, Bajic VB, Medvedeva YA, Kolpakov FA, Makeev VJ. HOCOMOCO: expansion and enhancement of the collection of transcription factor binding sites models // Nucleic acids research. – 2015. – Т. 44. – №. D1. – С. D116-D125.
6. Krasnov GS, Dmitriev AA, Kudryavtseva AV, Shargunov AV, Karpov DS, Uroshlev LA, Melnikova NV, Blinov VM, Poverennaya EV, Archakov AI, Lisitsa AV, Ponomarenko EA. PPLine: An automated pipeline for SNP, SAP, and splice variant detection in the context of proteogenomics // Journal of proteome research. – 2015. – Т. 14. – №. 9. – С. 3729-3737.
7. Melnikova NV, Dmitriev AA, Belenikin MS, Speranskaya AS, Krinitsina AA, Rachinskaia OA, Lakunina VA, Krasnov GS, Snezhkina AV, Sadritdinova AF, Uroshlev LA, Koroban NV, Samatadze TE, Amosova AV, Zelenin AV, Muravenko OV, Bolsheva NL, Kudryavtseva AV. Excess fertilizer responsive miRNAs revealed in *Linum usitatissimum* L // Biochimie. – 2015. – Т. 109. – С. 36-41.
8. Putlyaeva LV, Schwartz AM, Korneev KV, Covic M, Uroshlev LA, Makeev VY, Dmitriev SE, Kuprash DV. Upstream open reading frames regulate translation of the long isoform of SLAMF1 mRNA that encodes costimulatory receptor CD150 // Biochemistry (Moscow). – 2014. – Т. 79. – №. 12. – С. 1405-1411.
9. Melnikova NV, Kudryavtseva AV, Zelenin AV, Lakunina VA, Yurkevich OY, Speranskaya AS, Dmitriev AA, Krinitsina AA, Belenikin MS, Uroshlev LA, Snezhkina AV, Sadritdinova AF, Koroban NV, Amosova AV, Samatadze TE, Guzenko EV, Lemesh VA, Savilova AM, Rachinskaia OA, Kishlyan NV, Rozhmina TA, Bolsheva NL, Muravenko OV. Retrotransposon-based molecular markers for analysis of genetic diversity within the Genus *Linum* // BioMed research international. – 2014. – Т. 2014.
10. Moskalev A, Shaposhnikov M, Snezhkina A, Kogan V, Plyusnina E, Peregudova D, Melnikova N, Uroshlev L, Mylnikov S, Dmitriev A, Plusnin S, Fedichev P, Kudryavtseva A. Mining gene expression data for pollutants (dioxin, toluene, formaldehyde) and low dose of gamma-irradiation // PLoS One. – 2014. – Т. 9. – №. 1. – С. e86051.

Даем согласие на размещение персональных данных на официальном сайте ИЦиГ СО РАН и в единой информационной системе, включение персональных данных в аттестационное дело и их дальнейшую обработку.

Ведущая организация подтверждает, что соискатель и его научный руководитель (консультант) не являются ее сотрудниками, а также в ведущей организации не ведутся научно-исследовательские работы, по которым соискатель ученой степени является руководителем или работником организации-заказчика или исполнителем (соисполнителем).

Кудрявцев А.М. Директор инситута общей генетики

