

В ДИССЕРТАЦИОННЫЙ СОВЕТ 24.1.239.01,
созданный на базе ИЦиГ СО РАН

Я, Попцова Мария Сергеевна даю согласие
выступить официальным оппонентом по диссертации
Белокопытовой Полины Станиславовны на тему: «Разработка и оценка
точности предсказательных моделей трехмерной укладки хроматина
млекопитающих»,

представленной на соискание ученой степени кандидата биологических
наук по специальности 1.5.8. – Математическая биология, биоинформатика.

Место и адрес работы: (с указанием структурного подразделения,)

Россия, 101000, г. Москва, Покровский бульвар 11, Т907, НИУ ВШЭ

Должность: заведующая международной лабораторией биоинформатики

Ученая степень: кандидат физико-математических наук по специальности
01.00.00 «Физико-математические науки» и 03.01.02 «Биофизика»

Ученое звание: доцент

Сот. Телефон: 89629095153

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).

Подпись:
(заверенная)


*подпись заверен
специалист по персоналу
Неудачин Т.Е.*



Дата 23.10.23

Список публикаций Попцовой М.С. за последние 5 лет по теме диссертации
Белокопытовой П.С.

1. Herbert A., Pavlov F., Dmitrii Konovalov, Poptsova M. Conserved microRNAs and Flipons Shape Gene Expression during Development by Altering Promoter Conformations // *International Journal of Molecular Sciences*. 2023. Vol. 24. No. 5. Article 4884.
2. Umerenkov D, Herbert A, Konovalov D, Danilova A, Beknazarov N, Kokh V, Fedorov A, Poptsova M. Z-flipon variants reveal the many roles of Z-DNA and Z-RNA in health and disease. *Life Sci Alliance*. 2023 May 10;6(7):e202301962. doi: 10.26508/lsa.202301962. PMID: 37164635; PMCID: PMC10172764.
3. Beknazarov N, Poptsova M. DeepZ: A Deep Learning Approach for Z-DNA Prediction. *Methods Mol Biol*. 2023;2651:217-226. doi: 10.1007/978-1-0716-3084-6_15. PMID: 36892770.
4. Pavel Latyshev, Fedor Pavlov, Herbert A., Poptsova M. Unsupervised Domain Adaptation Methods for Cross-Species Transfer of Regulatory Code Signals // *Frontiers in Big Data*. 2023. Vol. 6. Article 1140663.
5. A. Voytetskiy, A. Herbert and M. Poptsova, "Graph Neural Networks for Z-DNA prediction in Genomes," *2022 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, Las Vegas, NV, USA, 2022, pp. 3173-3178, doi: 10.1109/BIBM55620.2022.9995451.
6. Cheloshkina K., Poptsova M. Comprehensive analysis of cancer breakpoints reveals signatures of genetic and epigenetic contribution to cancer genome rearrangements // *PLoS Computational Biology*. 2021. Vol. 17. No. 3. Article e1008749.
7. Cheloshkina K, Bzhikhatlov I, Poptsova M. Randomness in Cancer Breakpoint Prediction. *J Comput Biol*. 2021 Jul;28(7):716-731. doi: 10.1089/cmb.2020.0551. Epub 2021 Jun 15. PMID: 34129386.
8. Beknazarov N., Jin S., Poptsova M. Deep learning approach for predicting functional Z-DNA regions using omics data // *Scientific Reports*. 2020. Vol. 10. P. 19134.
9. F. Pavlov and M. Poptsova, "Recognition of DNA Secondary Structures as Nucleosome Barriers with Deep Learning Methods," *2020 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM)*, Seoul, Korea (South), 2020, pp. 2800-2805, doi: 10.1109/BIBM49941.2020.9313241.
10. Cheloshkina K, Poptsova M. Tissue-specific impact of stem-loops and quadruplexes on cancer breakpoints formation. *BMC Cancer*. 2019 May 10;19(1):434. doi: 10.1186/s12885-019-5653-x. PMID: 31077166; PMCID: PMC6511154.
11. Шейн А. В., Zaikin A., Poptsova M. Recognition of 3'-end L1, Alu, processed pseudogenes, and mRNA stem-loops in the human genome using sequence-based and structure-based machine-learning models // *Scientific Reports*. 2019. Vol. 9. No. 7211. P. 1-16

 (Попцова М.С.)

23.10.23

подпись заверена
специалист по персоналу
Федоркина Т.Е.



