

## Сведения об официальном оппоненте

**Туманян Владимир Гайевич**

доктор физико-математических наук, профессор  
Биологические науки, 03.01.02 – биофизика

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт молекулярной биологии им. В. А. Энгельгардта Российской академии наук  
Заведующий лабораторией Вычислительных методов системной биологии

Список основных публикаций по теме диссертации:

- 1) Namiot V.A., Anashkina A.A., Filatov I.V., Tumanyan V.G., Esipova N.G. (2013) Long-range macromolecule interaction and “speed reading” long nucleotide sequences in DNA. *Physics Letters A*. V. 377. P. 323–328.
- 2) Torshin I.Yu., Esipova N.G., Tumanyan V.G. (2014) Alternatingly twisted  $\beta$ -hairpins and nonglycine residues in the disallowed II' region of the Ramachandran plot. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*. V. 32. P. 198–208.
- 3) Kravatskaya G.I., Chechetkin V.R., Kravatsky Y.V., Tumanyan V.G. (2013) Structural attributes of nucleotide sequences in promoter regions of supercoiling-sensitive genes: How to relate microarray expression data with genomic sequences. *GENOMICS*. V. 101. P. 1–11.
- 4) Namiot V.A., Batyanovskii A.V., Filatov I.V., Tumanyan V.G., Esipova N.G. (2011) General theory of the long-range interactions in protein folding // *Physics Letters A*. V. 375. P. 2911–2915.
- 5) Polyanovsky V.O., Roytberg M.A., Tumanyan V.G. (2011) Comparative analysis of the quality of a global and a local algorithm for alignment of two sequences. *Algorithms for Molecular Biology*. V. 6. P. 1–12.
- 6) Kravatskaya G.I., Kravatsky Y.V., Chechetkin V.R., Tumanyan V.G. (2011) Coexistence of different base periodicities in prokaryotic genomes as related to DNA curvature, supercoiling, and transcription. *GENOMICS*. V. 98. P. 223–231.
- 7) Il'icheva I.A., Vlasov P.K., Esipova N.G., Tumanyan V.G. (2010) The Intramolecular Impact to the Sequence Specificity of B->A Transition: Low Energy Conformational Variations in AA/TT and GG/CC Steps. *J. of Biomolecular Structure & Dynamics*. V. 27. P. 677–693.
- 8) Bogush V.G., O.S. Sokolova, L.I. Davydova, D.V. Klinov, K.V. Sidoruk, N.G. Esipova, T.V. Neretina, I.A. Orchanskyi, V.Y. Makeev, V.G. Tumanyan, K.V. Shaitan, V.G. Debabov, M.P. Kirpichnikov (2009) A Novel Model System for Design of Biomaterials Based on Recombinant Analogs of Spider Silk Proteins. *J. Neuroimmune Pharmacol*. V. 4. P.17–27.

## Сведения об официальном оппоненте

**Алексеевский Андрей Владимирович**

кандидат физико-математических наук

01.01.06 – Математическая логика, алгебра и теория чисел

Научно-исследовательский институт физико-химической биологии им. А. Н. Белозерского  
Московского государственного университета им. М. В. Ломоносова  
ведущий научный сотрудник, и. о. заведующего отделом

Список основных публикаций по теме диссертации:

- 1) Kirsanov DD, Zanegina ON, Aksianov EA, Spirin SA, Karyagina AS, Alexeevski AV. NPIDB: nucleic acid–protein interaction database // *Nucleic Acids Res.* 2013 41(D1): D517-D523
- 2) Medvedeva SA, Panchin AY, Alexeevski AV, Spirin SA, Panchin YV. Comparative Analysis of Context-Dependent Mutagenesis Using Human and Mouse Models // *BioMed Res Int.* V. 2013, Article ID 989410
- 3) Panchin AY, Mitrofanov SI, Alexeevski AV, Spirin SA, Panchin YV. New words in human mutagenesis // *BMC Bioinformatics.* 2011, V. 12, p. 268
- 4) Mintaev RR, Alexeevski AV, Kordyukova LV Co-evolution analysis to predict protein-protein interactions within influenza virus envelope // *J Bioinform Comput Biol.* 2014, 12(2): 1441008. doi: 10.1142/S021972001441008X
- 5) Glukhov SI, Rubtsov MA, Alexeyevsky DA, Alexeevski AV, Razin SV, Iarovaia OV. The Broken MLL Gene Is Frequently Located Outside the Inherent Chromosome Territory in Human Lymphoid Cells Treated with DNA Topoisomerase II Poison Etoposide // *PLOS ONE*, 8(9): e75871
- 6) Medvedeva SA, Panchin AY, Alexeevski AV, Spirin SA, Panchin YV. Comparative Analysis of Context-Dependent Mutagenesis in Humans and Fruit Flies // *International Journal of Genomics*, 2013, V. 2013, Article ID 173616, 6 pages. doi:10.1155/2013/173616.
- 7) Aksianov E, Alexeevski A. SheeP: A tool for description of  $\beta$ -sheets in protein 3D structures. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 2012, 10(2): 1241003. doi: 10.1142/S021972001241003X.
- 8) Ershova AS, Karyagina AS, Vasiliev MO, Lyashchuk AM; Lunin VG, Spirin SA, Alexeevski AV. Solitary restriction endonucleases in prokaryotic genomes // *Nucleic Acids Research*, 2012, 40(20): 10107-15, doi: 10.1093/nar/gks853
- 9) Kordyukova LV, Serebryakova MV, Polyansky AA, Kropotkina EA, Alexeevski AV, Veit M, Efremov RG, Filippova IY, Baratova LA. Linker and/or transmembrane regions of influenza A/Group-1, A/Group-2, and type B virus hemagglutinins are packed differently within trimers // *Biochim Biophys Acta.* 2011, 1808(7): 1843-54.
- 10) Пеков Ю.А., Алексеевский А.В., Спиринов С.А., Выявление консервативных гидрофобных ядер семейств белковых доменов // *Программные продукты и системы*, 2011, No. 4, С. 27-31.
- 11) Mitrofanov SI, Panchin AY, Spirin SA, Alexeevski AV, Panchin YV. Exclusive sequences of different genomes // *J Bioinform Comput Biol.* 2010, 8(3): 519-34.

- 12) Grishin A, Fonfara I, Alexeevski A, Spirin S, Zanagina O, Karyagina A, Alexeyevsky D, Wende W. Identification of conserved features of LAGLIDADG homing endonucleases // J Bioinform Comput Biol. 2010, 8(3): 453-469.
- 13) Burkov B, Nagaev B, Spirin S, Alexeevski A. Malakite: an automatic tool for characterisation of structure of reliable blocks in multiple alignments of protein sequences // J Bioinform Comput Biol. 2010, 8(3): 503-517.
- 14) Рязанова А.Ю., Молочков Н.В., Абросимова Л.А., Алексеевский А.В., Карягина А.С., Проценко А.С., Friedhoff P., Орецкая Т.С., Кубарева Е.А. Вторичная структура N-концевой области SsoII-подобных C5-цитозиновых ДНК-метилтрансфераз, определенная методом спектроскопии кругового дихроизма // Молекулярная биология, 2010, 44(5): 911–921

## Сведения о ведущей организации

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

Москва, ул. Губкина, дом 3

119991, ГСП-1, Москва, ул. Губкина, дом 3

(499) 135-62-13 (дирекция), (499) 135-20-41 (канцелярия)

[iogen@vigg.ru](mailto:iogen@vigg.ru)

<http://www.vigg.ru>

Список основных публикаций по теме диссертации:

- 1) Medvedeva YA, Khamis AM, Kulakovskiy IV, Ba-Alawi W, Bhuyan MS, Kawaji H, Lassmann T, Harbers M, Forrest AR, Bajic VB; FANTOM consortium. Effects of cytosine methylation on transcription factor binding sites. // BMC Genomics. 2014 Mar 26;15(1):119. doi: 10.1186/1471-2164-15-119. -- IF 4.40
- 2) Levitsky VG, Kulakovskiy IV, Ershov NI, Oschepkov DY, Makeev VJ, Hodgman TC, Merkulova TI. Application of experimentally verified transcription factor binding sites models for computational analysis of ChIP-Seq data. BMC Genomics. 2014 Jan 29;15(1):80. -- IF 4.40
- 3) Der Sarkissian C, Brotherton P, Balanovsky O, Templeton JE, Llamas B, Soubrier J, Moiseyev V, Khartanovich V, Cooper A, Haak W; Genographic Consortium. Mitochondrial genome sequencing in Mesolithic North East Europe Unearths a new sub-clade within the broadly distributed human haplogroup C1. // PLoS One. 2014 Feb 4;9(2):e87612. -- IF 3.730
- 4) Davydov II, Wohlgemuth I, Artamonova II, Urlaub H, Tonevitsky AG, Rodnina MV. Evolution of the protein stoichiometry in the L12 stalk of bacterial and organellar ribosomes. Nat Commun. 2013; 4:1387. doi: 10.1038/ncomms2373. -- IF 10.015
- 5) Kulakovskiy IV, Medvedeva YA, Schaefer U, Kasianov AS, Vorontsov IE, Bajic VB, Makeev VJ. HOCOMOCO: a comprehensive collection of human transcription factor binding sites models. Nucleic Acids Res. 2013 Jan; 41(Database issue):D195-202. -- IF 8.278
- 6) Naumova OY, Lee M, Rychkov SY, Vlasova NV, Grigorenko EL. Gene expression in the human brain: the current state of the study of specificity and spatiotemporal dynamics. Child Dev. 2013 Jan-Feb; 84(1):76-88. Review. -- IF 4.915
- 7) Thompson TM, Sharfi D, Lee M, Yrigollen CM, Naumova OY, Grigorenko EL. Comparison of whole-genome DNA methylation patterns in whole blood, saliva, and lymphoblastoid cell lines. Behav Genet. 2013 Mar;43(2):168-76. IF -- 2.606
- 8) Vorontsov IE, Kulakovskiy IV, Makeev VJ. Jaccard index based similarity measure to compare transcription factor binding site models. Algorithms Mol Biol. 2013 Sep 30;8(1):23. IF -- 1.61
- 9) Fertig E, Favorov A, Ochs M. Identifying Context-Specific Transcription Factor Targets from Prior Knowledge and Gene Expression Data. IEEE Trans Nanobioscience. 2013 May 16. IF -- 1.286
- 10) Kulakovskiy I, Levitsky V, Oshchepkov D, Bryzgalov L, Vorontsov I, Makeev V. From binding motifs in ChIP-Seq data to improved models of transcription factor binding sites.

- 11) Андрианов Б.В. Сорокина С.Ю., Лазебный О.Е., Горячева И.И., Горелова Т.В., Каштанов С.Н. Изменчивость митохондриального генома domesticированного соболя (*Martes zibellina*) // Генетика. 2012. 48(4): 529-541.
- 12) Поморцев А.А., Мартынов С.П., Лялина Е.В.. Полиморфизм по гордеин-кодирующим локусам популяций ячменя (*Hordeum vulgare* L.) стран Восточной Азии (Китай, Непал, Пакистан, Индия) // Генетика. 2012. т.48, №8, с. 934-950.
- 13) Хадеева Н.В, Яковлева Е.Ю., Дунаевский. Я.Е., Белозерский М.А. Сравнительный анализ инсерционных мутантов табака и арабидопсиса, трансформированных одинаковыми векторными конструкциями //Генетика. 2012. т. 48. № 2. с.194 - 203.
- 14) Шайкевич Е.В., Ившина Е.В., Захаров И.А. Полиморфизм митохондриальной днк и распространение цитоплазматических симбионтов в популяциях двуточечной божьей коровки *Adalia bipunctata* // Генетика. 2012 Т. 48. № 5. С. 666-671.
- 15) Shulha H.P., Crisci J.L., Reshetov D., Tushir J.S., Cheung I., Bharadwaj R., Chou H.J., Houston I.B., Peter C.J., Mitchell A.C., Yao W.D., Myers R.H., Chen J.F., Preuss T.M., Rogaev E.I., Jensen J.D., Weng Z., Akbarian S. Human-specific histone methylation signatures at transcription start sites in prefrontal neurons.//PLoS Biol.2012.10(11):e1001427.