

Сведения об оппонентах и ведущей организации

Оппонент 1. Озолин Ольга Николаевна

доктор биологических наук

Заведующая лабораторией

(лаборатория функциональной геномики и клеточного стресса)

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки

Институт биофизики клетки Российской академии наук

142290, г.Пушино Московской области, Институтская, д. 3

Основные публикации по теме диссертации:

1. K.S., Shavkunov, I.S. Masulis , M.N. Tutukina , A.A. Deev, O.N.Ozoline. Gains and unexpected lessons fom genome-scale promoter mapping. *Nucleic Acids Res.* 2009 37, 4919 – 4931.
2. Озерова М.В., Озолин О.Н. Бактериальные факторы транскрипции, регулирующие инициацию и элонгацию через вторичный канал РНК полимеразы. *Естественные и Технические науки* 2009, №4, т. 42, стр. 65-69.
3. Киселев С.С., Озолин О.Н. Структурообразующие модули как индикаторы промоторной ДНК в бактериальных геномах. *Математическая биология и биоинформатика.* 2011, т. 6(1), С. 39-52.
4. I. Suvorova, M.N.Tutukina, D.A. Ravcheev, O.N.Ozoline, M.S. Gelfand. Comparative genomic analysis of the hexuronate metabolism genes and their regulation in gamma-proteobacteria. *J. Bacteriol.*, 2011; 193, 3956 - 3963.
5. Швырёва У.С., Тутукина М. Н., Озолин О.Н. Бактериоферритин: свойства и структурно функциональная организация регуляторной области гена *dps*. *Биофизика* 2011, 56(5), 821-830.
6. Панюков В.В., Назипова Н.Н., Озолин О.Н. Пакет программ aSHARЕ для изучения пространственной конформации участков бактериального генома. *Математическая биология и биоинформатика.* 2011, т.6(2), с. 211-228. 2011, 6(1) t36-t52,
7. Shavkunov K.S., Tutukina M.N., Masulis I.S., Ozoline O.N. Promoter islands: the novel elements in bacterial genomes. *J. Biomol. Struct. & Dynam.* 2011 V.28(6), p. 1128-1129.
8. Q. Huang, X. Cheng, M.K. Cheung, S.S. Kiselev, O.N. Ozoline, H.S. Kwan. High-density transcriptional initiation signals underline genomic islands in bacteria. *PLoS One* 2012, 7(3): e33759.
9. В.О. Покусаева, С.С. Антипов, У.С.Швырёва, М.Н.Тутукина, О.Н. Озолин. Суперпродукция, выделение и очистка

- функционально активного бактериоферритина Dps E.coli. Сорбционные и хроматографические процессы, 2012, 12(6) 1011-1017.
10. Panyukov V.V., Ozoline O.N. Promoters of Escherichia coli versus Promoter islands: function and structure comparison. PLoS ONE, 2013, V. 8(5), e62601.
 11. Антипов С.С., Покусаева В.О., Мелихов В.В., Озолин О.Н. Зависимость эффективности образования нуклеопротеидных комплексов с белком Dps от физико- химических свойств ДНК. Вопросы биологической, медицинской и фармацевтической химии, 2013, №7, с.24-28.
 12. Purtoev Yu.A., Glazunova O.A., Antipov S.S., Pokusaeva V.O., Fesenko E.E., Preobrazhenskaya V.V., Shavkunov K.S., Tutukina M.N., Lukyanov V.I., Ozoline O.N. Promoter islands as a platform for interaction with nucleoid proteins and transcription factors. J. Bioinformatics and computational biology, 2014, V.12(2) ID 1441006.

Оппонент 2. Мясникова Екатерина Марковна

кандидат физико-математических наук

Ведущий научный сотрудник

(лаборатория молекулярной вирусологии и онкологии)

Центр перспективных исследований Федерального

государственного автономного образовательного учреждения

высшего образования Санкт-Петербургского государственного

политехнического университета.

195251, г. Санкт-Петербург, ул. Политехническая, д. 29

Основные публикации по теме диссертации:

1. Surkova S.Yu., Myasnikova E.M. Reinitz J., Samsonova M.G. Acquisition and processing of quantitative data on the basis of confocal images of gene expression patterns in situ. //Introduction to information biology and bioinformatics: in 5 v. /Eds N.A. Kolchanov et al./ Novosibirsk: NSU, Vol. 3, pp. 130-156 (Russian), 2010.
2. Svetlana Surkova, Ekaterina Myasnikova, Konstantin N. Kozlov, Andrei Pisarev, John Reinitz and Maria Samsonova. Quantitative imaging of gene expression in Drosophila embryos. In Imaging in Developmental Biology: A Laboratory Manual (ed. J. Sharpe and RO. Wong). Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, pp. 683-697, 2011
3. Vitaly V Gursky, Lena Panok, Ekaterina M. Myasnikova, Manu, Maria G. Samsonova, John Reinitz, and Alexander M Samsonov. Mechanisms of gap gene expression canalization in the Drosophila blastoderm. BMC Systems Biology, 5:118, 2011. doi:10.1186/1752-0509-5-118.
4. Myasnikova E., Surkova S., Stein G., Pisarev A., Samsonova M. (2011). A regression system for estimation of errors introduced by confocal imaging into gene expression data in situ. BMC Bioinformatics 12: 320
5. Kozlov K, Surkova S, Myasnikova E, Reinitz J, Samsonova M (2012) Modeling of Gap Gene Expression in Drosophila Kruppel Mutants. PLoS Comput Biol 8(8): e1002635. doi:10.1371/journal.pcbi.1002635
6. Surkova S, Myasnikova E, Kozlov KN, Pisarev A, Reinitz J, Samsonova M. (2013) Quantitative imaging of gene expression in Drosophila embryos. Cold Spring Harb Protoc. 2013 Jun 1;2013(6):488-97. doi: 10.1101/pdb.top075101.
7. E.Myasnikova, K.Kozlov, M.Samsonova, Statistical method for estimation of the predictive power of a gene circuit model, Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol. 12, No. 2 (2014) DOI: 10.1142/S0219720014410029

Ведущая организация. Научно-исследовательский институт физико-химической биологии им. А.Н.Белозерского Московского государственного университета им.

М.В.Ломоносова

119992, Москва, Ленинские горы, дом 1, стр 40

тел.: 8 (495) 939-53-59

<http://www.belozersky.msu.ru/>

Основные публикации по теме диссертации:

1. Boris Burkov, Boris Nagaev, Sergei Spirin, and Andrei Alexeevski. Malakite: an automatic tool for characterisation of structure of reliable blocks in multiple alignments of protein sequences. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 8(3):503–517, 2010.
2. Alexander Grishin, Ines Fonfara, Andrei Alexeevski, Sergei Spirin, Olga Zanagina, Anna Karyagina, Daniil Alexeyevsky, and Wolfgang Wende. Identification of conserved features of laglidag homing endonucleases. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 8(3):453–469, 2010.
3. Sergey I. Mitrofanov, Alexander Y. Panchin, Sergei A. Spirin, Andrei V. Alexeevski, and Yuri V. Panchin. Exclusive sequences of different genomes. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 8(3):519–34, 2010.
4. M.S. Krivozubov and S.A. Spirin. Comparison of protein phylogeny reconstruction methods using natural protein sequences. *Moscow University biological sciences bulletin*, 65(4):139–141, 2010.
5. Alexander Y. Panchin, Sergey I. Mitrofanov, Andrei V. Alexeevski, Sergey A. Spirin, and Yuri V. Panchin. New words in human mutagenesis. *BMC Bioinformatics*, 12, 2011.
6. Ю.А. Пеков, А.В. Алексеевский, С.А. Спирин. Выявление консервативных гидрофобных ядер семейств белковых доменов. Программные продукты и системы, (4):27–31, 2011.
7. E. Aksianov and A. Alexeevski. SheeP: A tool for description of β -sheets in protein 3D structures. *J. Bioinformatics and Computational Biology*, 10 (2):1241003, 2012
8. Anna S. Ershova, Anna S. Karyagina, Mikhail O. Vasiliev, Alexander M. Lyashchuk, Vladimir G. Lunin, Sergey A. Spirin, and Andrei V. Alexeevski. Solitary restriction endonucleases in prokaryotic genomes. *Nucleic Acids Research*, 40(20):10107–10115, 2012.
9. Dmitry D. Kirsanov, Olga N. Zanagina, Evgeniy A. Aksianov, Sergei A. Spirin, Anna S. Karyagina, and Andrei V. Alexeevski. Npidb: nucleic acid—protein interaction database. *Nucleic Acids*

- Research, 41(D1):D517–D523, 2013.
10. Sofya A. Medvedeva, Alexander Y. Panchin, Andrey V. Alexeevski, Sergey A. Spirin, and Yuri V. Panchin. Comparative analysis of context-dependent mutagenesis in humans and fruit flies. *International Journal of Genomics*, 2013.
 11. Sofya A. Medvedeva, Alexander Y. Panchin, Andrey V. Alexeevski, Sergey A. Spirin, and Yuri V. Panchin. Comparative analysis of context-dependent mutagenesis using human and mouse models. *BioMed Research International*, 2013.
 12. M.S. Krivozubov, F.A. Goebels, and S.A. Spirin. Estimation of relative effectiveness of phylogenetic programs by machine learning. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 12(2):1441004, 2014.
 13. R.R. Mintaev, A.V. Alexeevski and L.V. Korzyukova. Co-evolution analysis to predict protein-protein interactions within influenza virus envelope. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 12(2):1441008, 2014.