

Сведения об официальном оппоненте

Фамилия Имя Отчество (полностью)	Кулаковский Иван Владимирович	
Ученая степень и наименование отрасли наук, научных специальностей, по которым защищена диссертация	Степень Кандидат физико- математических наук	Наименование 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика
Полное наименование организации - основное место работы, должность	Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук	Старший научный сотрудник
Список основных публикаций оппонента по теме диссертации в рецензируемых научных изданиях за посл. 5 лет (не более 15)	1. Kulakovskiy I.V., Vorontsov I.E., Yevshin I.S., Soboleva A.V., Kasianov A.S., Ashoor H., Ba-Alawi W., Bajic V.B., Medvedeva Y.A., Kolpakov F.A., Makeev V.J. HOCOMOCO: expansion and enhancement of the collection of transcription factor binding sites models. Nucleic Acids Res. 2016 Jan 4;44(D1):D116-25. doi: 10.1093/nar/gkv1249. 2. Kozlov K., Gursky V.V., Kulakovskiy I.V., Dymova A., Samsonova M. Analysis of functional importance of binding sites in the Drosophila gap gene network model. BMC Genomics. 2015 Dec 16;16 Suppl 13:S7. doi: 10.1186/1471-2164-16-S13-S7. 3. Papatsenko D., Darr H., Kulakovskiy I.V., Waghay A2, Makeev V.J., MacArthur B.D., Lemischka I.R. Single-Cell Analyses of ESCs Reveal Alternative Pluripotent Cell States and Molecular Mechanisms that Control Self-Renewal. Stem Cell Reports. 2015 Aug 11;5(2):207-20. doi: 10.1016/j.stemcr.2015.07.004. 4. Medvedeva Y.A., Lennartsson A., Ehsani R., Kulakovskiy I.V., Vorontsov I.E., Panahandeh P., Khimulya G., Kasukawa T.; FANTOM Consortium, Drabløs F. EpiFactors: a comprehensive database of human epigenetic factors and complexes. Database (Oxford). 2015 Jul 7;2015:bav067. doi: 10.1093/database/bav067. Print 2015. 5. Medvedeva Y.A., Khamis A.M., Kulakovskiy I.V., Ba-Alawi W., Bhuyan M.S., Kawaji H., Lassmann T., Harbers M., Forrest A.R., Bajic V.B.; FANTOM consortium. Effects of cytosine methylation on	

	transcription factor binding sites. BMC Genomics. 2014 Mar 26;15:119. doi: 10.1186/1471-2164-15-119. 6. Levitsky V.G., Kulakovskiy I.V., Ershov N.I., Oshchepkov D.Y., Makeev V.J., Hodgman T.C., Merkulova T.I. Application of experimentally verified transcription factor binding sites models for computational analysis of ChIP-Seq data. BMC Genomics. 2014 Jan 29;15:80. doi: 10.1186/1471-2164-15-80. 7. Vorontsov I.E., Kulakovskiy I.V., Makeev V.J. Jaccard index based similarity measure to compare transcription factor binding site models. Algorithms Mol Biol. 2013 Sep 30;8(1):23. doi: 10.1186/1748-7188-8-23. 8. Kulakovskiy I.V., Makeev V.J. DNA sequence motif: a jack of all trades for ChIP-Seq data. Adv Protein Chem Struct Biol. 2013;91:135-71. doi: 10.1016/B978-0-12-411637-5.00005-6. 9. 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. J Bioinform Comput Biol. 2013 Feb;11(1):1340004. doi: 10.1142/S0219720013400040.
--	---