

Сведения о ведущей организации

Полное наименование организации Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук	Сокращенное наименование организации ФГБУН ИОГен РАН
Место нахождения Москва, ГСП-1, ул. Губкина, д. 3	
Почтовый адрес 119991	Телефон +7(499) 135-62-13
Адрес электронной почты iogen@vigg.ru	Адрес официального сайта http://www.vigg.ru/
Список основных публикаций работников организации по теме диссертации за последние 5 лет (не более 15) 1. Zaychikova M.V., Zakharevich N.V., Sagaidak M.O., Bogolubova N.A., Smirnova T.G., Andreevskaya S.N., Larionova E.E., Alekseeva M.G., Chernousova L.N., Danilenko V.N. Mycobacterium tuberculosis Type II Toxin-Antitoxin Systems: Genetic Polymorphisms and Functional Properties and the Possibility of Their Use for Genotyping. PLoS One. 2015 Dec 14;10(12):e0143682. doi: 10.1371/journal.pone.0143682. eCollection 2015. 2. Vatlin A.A., Bekker O.B., Lysenkova L.N., Danilenko V.N. Draft Genome Sequence of Streptomyces fradiae olg1-1, a Strain Resistant to Nitrofurantoin-Oligomycin. Genome Announc. 2015 Oct 22;3(5). pii: e01252-15. doi: 10.1128/genomeA.01252-15. 3. Artamonova I.I., Lappi T., Zudina L., Mushegian A.R. Prokaryotic genes in eukaryotic genome sequences: when to infer horizontal gene transfer and when to suspect an actual microbe. Environ Microbiol. 2015 Jul;17(7):2203-8. doi: 10.1111/1462-2920.12854. 4. Zagoskin M.V., Lazareva V.I., Grishanin A.K., Mukha D.V. Phylogenetic information content of Copepoda ribosomal DNA repeat units: ITS1 and ITS2 impact. Biomed Res Int. 2014;2014:926342. doi: 10.1155/2014/926342. 5. Ian E., Malko D.B., Sekurova O.N., Bredholt H., Rückert C., Borisova M.E., Albersmeier A., Kalinowski J., Gelfand M.S., Zotchev S.B. Genomics of sponge-associated Streptomyces spp. closely related to Streptomyces albus J1074: insights into marine adaptation and secondary metabolite biosynthesis potential. PLoS One. 2014 May 12;9(5):e96719. doi: 10.1371/journal.pone.0096719. eCollection 2014. 6. Gogleva A.A., Gelfand M.S., Artamonova I.I. Comparative analysis of CRISPR cassettes from the human gut metagenomic contigs. BMC Genomics. 2014 Mar 17;15:202. doi: 10.1186/1471-2164-15-202. 7. Artamonova I.I., Mushegian A.R. Genome sequence analysis indicates that the model eukaryote Nematostella vectensis harbors bacterial consorts. Appl Environ Microbiol. 2013 Nov;79(22):6868-73. doi: 10.1128/AEM.01635-13.	

8. Gordienko E.N., Kazanov M.D., Gelfand M.S. Evolution of pan-genomes of *Escherichia coli*, *Shigella* spp., and *Salmonella enterica*. *J Bacteriol.* 2013 Jun;195(12):2786-92. doi: 10.1128/JB.02285-12.
9. Kulakovskiy I.V., Medvedeva Y.A., Schaefer U., Kasianov A.S., Vorontsov I.E., Bajic V.B., Makeev V.J. HOCOMOCO: a comprehensive collection of human transcription factor binding sites models. *Nucleic Acids Res.* 2013 Jan;41(Database issue):D195-202. doi: 10.1093/nar/gks1089.
10. Permina E.A., Medvedeva Y.A., Baeck P.M., Hegde S.R., Mande S.C., Makeev V.J. Identification of self-consistent modulons from bacterial microarray expression data with the help of structured regulon gene sets. *J Biomol Struct Dyn.* 2013;31(1):115-24. doi: 10.1080/07391102.2012.691368.