# Сведения о ведущей организации

|  |  |
| --- | --- |
| Полное наименование организации  | Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт математических проблем биологии РАН  |
| Сокращенное наименование организации  | ФГБУН ИМПБ РАН  |
| Место нахождения | Московская область, г.Пущино, ул.Институтская, д.4  |
| Почтовый адрес  | 142290  |
| Телефон  | +7(4967) 318504  |
| Адрес электронной почты  | com@impb.psn.ru  |
| Адрес официального сайта  | http://www.impb.ru/  |
| Список основных публикаций работников организации по теме диссертации за последние 5 лет (не более 15)  | 1. Chaley M., Kutyrkin V. Stochastic model of homogeneous coding and latent periodicity in DNA sequences. *Journal of Theoretical Biology.* 2016. 390. 106-116.
2. Ge Y., Zhang L., Nikolova M., Reva B., Fuchs E. Strand-specific in vivo screen of cancer-associated miRNAs unveils a role for miR-21(∗) in SCC progression. *Nature Cell Biology.* 2016. 18 (1). 111-121. [doi: 10.1038/ncb3275](http://dx.doi.org/10.1038/ncb3275)
3. Bezsudnova E.Yu., Petrova T.E., Popinako A.V., Antonov M.Yu., Stekhanova T.N., Popov V.O. Intramolecular hydrogen bonding in the polyextremophilic shortchain dehydrogenase from the archaeon Thermococcus sibiricus and its close structural homologs. *Biochimie.* 2015. 118. 82-89.
4. Glyakina A.V., Likhachev I.V., Balabaev N.K., Galzitskaya O.V. Mechanical stability analysis of the protein L immunoglobulin binding domain by full alanine screening using molecular dynamics simulations. *Biotechnol. J.* 2015. 10 (3). 386-394.
5. Updegrove T.B., Shabalina S.A., Storz G. How do base-pairing small RNAs evolve? *FEMS Microbiol Rev.* 2015. 39 (3). 379-391. [doi: 10.1093/femsre/fuv014](http://dx.doi.org/10.1093/femsre/fuv014)
6. Кутыркин В.А., Чалей М.Б. Структурно-статистические свойства кодирующих районов ДНК. *Математическая биология и биоинформатика.* 2015. 10 (2). 387-397. [doi: 10.17537/2015.10.387](http://dx.doi.org/10.17537/2015.10.387)
7. 109. Galzitskaya O.V., Pereyaslavets L.B., Glyakina A.V. Folding of right- and left-handed three-helix proteins. *Isr. J. Chem.* 2014. 54. 1126–1136.
8. Glyakina A.V., Likhachev I.V., Balabaev N.K., Galzitskaya O.V. Right- and left-handed three-helix proteins: II. similarity and differences in mechanical unfolding of proteins. *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics.* 2014. 82 (1). 90-102. doi: 10.1002/prot.24373
9. Regnier M., Furletova E., Yakovlev V., Roytberg M. Analysis of pattern overlaps and exact computation of P-values of pattern occurrences numbers: case of Hidden Markov Models. *Algorithms for Molecular Biology.* 2014. 9. 25. doi: 10.1186/s13015-014-0025-1
10. Shabalina S.A., Ogurtsov A.Y., Spiridonov N.A., Koonin E.V. Evolution at protein ends: Major contribution of alternative transcription initiation and termination to the transcriptome and proteome diversity in mammals. *Nucleic Acids Research.* 2014. 42 (11). 7132-7144.
11. Грохлина Т.И., Зрелов П.В., Иванов В.В., Полозов Р.В., Чиргадзе Ю.Н., Сивожелезов В.В. [База данных аминокислотно-нуклетотидных контактов в комплексах ДНК с белками семейства гомеодоменов.](http://www1.jinr.ru/Pepan_letters/panl_2013_5/13_groh.pdf) *Письма в ЭЧАЯ.* 2013. 10 (5). 756–763.
12. Galzitskaya O.V., Glyakina A.V. Nucleation-based prediction of the protein folding rate and its correlation with the folding nucleus size. *Proteins.* 2012. 80 (12). 2711-2727.
13. Petrova T., Bezsudnova E.Y., Boyko K.M., Mardanov A.V., Polyakov K.M., Volkov V.V., Kozin M., Ravin N.V., Shabalin I.G., Skryabin K.G., Stekhanova T.N., Kovalchuk M.V., Popov V.O. ATP-dependent DNA ligase from Thermococcus sp. 1519 displays a new arrangement of the OB-fold domain. *Acta Crystallographica Section F: Structural Biology and Crystallization Communications.* 2012. F68. 1440-1447.
14. Баулин Е.Ф., Астахова Т.В., Ройтберг М.А. [Классификация элементов вторичной структуры РНК.](http://www.matbio.org/2012/Baulin_7_567.pdf) *Математическая биология и биоинформатика.* 2012. 7 (2). 567–571.
15. Galzitskaya O.V., Glyakina A.V. Nucleation-based prediction of the protein folding rate and its correlation with the folding nucleus size. *Proteins.* 2012. 80 (12). 2711-2727
 |