

## Сведения об официальном оппоненте

Фамилия Имя Отчество (полностью)	Галзитская Оксана Валериановна	
Ученая степень и наименование отрасли наук, научных специальностей, по которым защищена диссертация	Степень Доктор физико-математических наук	Наименование 03.00.02 - Биофизика
Полное наименование организации - основное место работы, должность	Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт белка Российской академии наук (ИБ РАН)	Руководитель группы биоинформатики
Список основных публикаций оппонента по теме диссертации в рецензируемых научных изданиях за посл. 5 лет (не более 15)	<p>1. Taxonomic distribution, repeats, and functions of the S1 domain-containing proteins as members of the OB-fold family. Deryusheva E.I., Machulin A.V., Selivanova O.M., Galzitskaya O.V. <i>Proteins</i>, 85(4):602-613. 2017</p> <p>2. Non-random distribution of homo-repeats: links with biological functions and human diseases. Lobanov M.Yu., Klus P., Sokolovsky I.V., Tartaglia G.G., Galzitskay O.V. <i>Sci Rep.</i>, 6: 26941. 2016</p> <p>3. Occurrence of Disordered Residues in Four Domains of Life. Lobanov M.Y., Galzitskaya O.V. <i>Int. J. Mol. Sci.</i>, 16, 19490–19507. 2015</p> <p>4. Repeats are one of the main characteristics of RNA-binding proteins with prion-like domains. Galzitskaya O.V. <i>Mol. Biosyst.</i> 11, 2210–2218. 2015</p> <p>5. Phyloproteomic Analysis of 11780 Six-Residue-Long Motifs Occurrences. Galzitskaya O.V., Lobanov M.Yu. <i>BioMed research international</i>, Article ID 208346. 2015</p> <p>6. FoldNucleus: web server for the prediction of RNA and protein folding nuclei from their 3D structures. Pereyaslavets L.B., Sokolovsky I.V., Galzitskaya O.V. <i>Bioinformatics</i>, 31, 3374-3376. 2015</p> <p>7. Influence of homo-repeats on functions and aggregation propensities of protein chains. Galzitskaya O.V., Lobanov M. <i>Journal of biomolecular structure &amp; dynamics</i>, 33 Suppl 1, 111-112. 2015</p> <p>8. Theoretical Search for RNA Folding Nuclei. Pereyaslavets L.B., Galzitskaya, O.V. <i>Entropy</i>, 17, 7827-7847. 2015</p> <p>9. HRaP: database of occurrence of HomoRepeats and patterns in proteomes. Lobanov M.Y., Sokolovskiy I.V., Galzitskaya O.V. <i>Nucleic Acids Res.</i>, 42(Database issue), D273–D278. 2014</p> <p>10. A novel web server predicts amino acid residue protection against hydrogen-deuterium exchange. Lobanov M.Yu., Suvorina M.Yu., Dovidchenko N.V., Sokolovskiy I.V., Surin A. K. and Galzitskaya O.V. <i>Bioinformatics</i>, 29(11), 1375-1381. 2013</p>	

