

## Сведения об официальном оппоненте

<p>Фамилия Имя Отчество (полностью)</p> <p>Ученая степень и наименование отрасли наук, научных специальностей, по которым защищена диссертация</p> <p>Полное наименование организации - основное место работы, должность</p> <p>Список основных публикаций оппонента по теме диссертации в рецензируемых научных изданиях за посл. 5 лет (не более 15)</p>		<p>Кубланов Илья Валерьевич</p> <p>Степень кандидат биологических наук</p> <p>Федеральное государственное учреждение Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук</p> <p>Наименование 03.00.07 – микробиология</p> <p>Заведующий лабораторией метаболизма экстремофильных прокариот</p>
		<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Kublanov IV, Sigalova OM, Gavrilov SN, Lebedinsky AV, Rinke C, Kovaleva O, Chernyh NA, Ivanova N, Daum C, Reddy TB, Klenk HP, Spring S, Göker M, Reva ON, Miroshnichenko ML, Kyrpides NC, Woyke T, Gelfand MS, Bonch-Osmolovskaya EA. Genomic Analysis of Caldithrix abyssi, the Thermophilic Anaerobic Bacterium of the Novel Bacterial Phylum Caldithrichaeota. <i>Front Microbiol.</i> 2017 Feb 20:8:195.</li> <li>2. Zarafeta D, Moschidi D, Ladoukakis E, Gavrilov S, Chrysina ED, Chatzioannou A, Kublanov I, Skretas G, Kolisis FN. Metagenomic mining for thermostable esterolytic enzymes uncovers a new family of bacterial esterases. <i>Sci Rep.</i> 2016 Dec 19;6:38886.</li> <li>3. Messina E, Sorokin DY, Kublanov IV, Toshchakov S, Lopatina A, Arcadi E, Smedile F, La Spada G, La Cono V, Yakimov MM. Complete genome sequence of 'Halanaeroarchaeum sulfurireducens' M27-SA2, a sulfur-reducing and acetate-oxidizing haloarchaeon from the deep-sea hypersaline anoxic lake Medee. <i>Stand Genomic Sci.</i> 2016 May 13;11:35.</li> <li>4. Sorokin D., Kublanov I., Gavrilov S., Rojo D., Roman P., Golyshin P., Slepak V., Smedile F., Messina E., La Cono V., Ferrer M. and Yakimov M. Elemental sulfur and acetate can support life of a novel strictly anaerobic haloarchaeon. <i>ISME J.</i> 2016. 10. 240-252.</li> <li>5. Placido A., Hai T. , Ferrer M., Chernikova T.N., Distaso M., Armstrong D., Yakunin A.F., Toshchakov S.V., Yakimov M.M., Kublanov I.V., Golyshina O.V., Pesole G., Ceci L.R., Golyshin P.N. 2015. Diversity of hydrolases from hydrothermal</li> </ol>

- vent sediments of the Levante Bay, Vulcano Island (Aeolian archipelago) identified by activity-based metagenomics and biochemical characterization of new esterases and an arabinopyranosidase. *Appl Microbiol Biotechnol.* 99(23): 10031-10046.
6. Menzel P, Gudbergsdottir SR, Rike AG, Lin L, Zhang Q, Contursi P, Moracci M, Kristjansson JK, Bolduc B, Gavrilov S, Ravin N, Mardanov A, Bonch-Osmolovskaya E, Young M, Krogh A, Peng X. 2015. Comparative Metagenomics of Eight Geographically Remote Terrestrial Hot Springs. *Microb Ecol.* 70(2):411-24. doi:10.1007/s00248-015-0576-9. PubMed PMID: 25712554.
  7. Sant'Anna FH, Lebedinsky AV, Sokolova TG, Robb FT, Gonzalez JM. Analysis of three genomes within the thermophilic bacterial species *Caldanaerobacter subterraneus* with a focus on carbon monoxide dehydrogenase evolution and hydrolase diversity. *BMC Genomics.* 2015. 16:757.
  8. Nesbo CL, Swithers K, Dahle H, Haverkamp THA, Birkeland N-K, Sokolova T, Kublanov I, Zhaxybayeva O. Evidence for extensive gene flow and *Thermotoga* subpopulations in subsurface and marine environments. *ISME J.* 2014. V. 9. P. 1532-1542. doi:10.1038/ismej.2014.238.