

## Сведения об официальном оппоненте

Фамилия Имя Отчество (полностью)	Медведева Юлия Анатольевна	
Ученая степень и наименование отрасли наук, научных специальностей, по которым защищена диссертация	Степень кандидат биологических наук	Наименование 03.01.03 — молекулярная биология
Полное наименование организации - основное место работы, должность	Федеральное государственное учреждение «Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук»	Руководитель группы регуляторной транскриптомики и эпигеномики
Список основных публикаций оппонента по теме диссертации в рецензируемых научных изданиях за посл. 5 лет (не более 15)	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Antonov I., Marakhonov A., Zamkova M., <b>Medvedeva Y.</b> ASSA: Fast identification of statistically significant interactions between long RNAs. // J Bioinform Comput Biol. 2018. Т. 16. № 1. С. 1840001.</li> <li>2. Antonov I., <b>Medvedeva Y.</b> Direct Interactions with Nascent Transcripts Is Potentially a Common Targeting Mechanism of Long Non-Coding RNAs. // Genes (Basel). 2020. Т. 11. № 12. С. E1483.</li> <li>3. Antonov I., <b>Medvedeva Y.A.</b> Purine-rich low complexity regions are potential RNA binding hubs in the human genome. // F1000Res. 2018. Т. 7. С. 76.</li> <li>4. Antonov I.V., Mazurov E., Borodovsky M., <b>Medvedeva Y.A.</b> Prediction of lncRNAs and their interactions with nucleic acids: benchmarking bioinformatics tools. // Briefings in bioinformatics. 2019. Т. 20. № 2. С. 551–564.</li> <li>5. Artemov A.V., Mogue N.S., Rastorguev S.M., Zhenilo S., Mazur A.M., Tsygankova S.V., Boulygina E.S., Kaplun D., Nedoluzhko A.V., <b>Medvedeva Y.A.</b>, Prokhortchouk E.B.</li> </ol>	

Genome-Wide DNA Methylation Profiling Reveals Epigenetic Adaptation of Stickleback to Marine and Freshwater Conditions. // *Mol Biol Evol.* 2017. T. 34. № 9. C. 2203–2213.

6. Bonetti A., Agostini F., Suzuki A.M., Hashimoto K., Pascarella G., Gimenez J., Roos L., Nash A.J., Ghilotti M., Cameron C.J.F., Valentine M., **Medvedeva Y.A.**, Noguchi S., Agirre E., Kashi K., Samudiyata, Luginbühl J., Cazzoli R., Agrawal S., Luscombe N.M., Blanchette M., Kasukawa T., De Hoon M., Arner E., Lenhard B., Plessy C., Castelo-Branco G., Orlando V., Carninci P. RADICL-seq identifies general and cell type-specific principles of genome-wide RNA-chromatin interactions. // *Nat Commun.* 2020. T. 11. № 1. C. 1018.
7. de Rie D., Abugessaisa I., Alam T., Arner E., Arner P., Ashoor H., Åström G., Babina M., Bertin N., Burroughs A.M., Carlisle A.J., Daub C.O., Detmar M., Deviatiiarov R., Fort A., Gebhard C., Goldowitz D., Guhl S., Ha T.J., Harshbarger J., Hasegawa A., Hashimoto K., Herlyn M., Heutink P., Hitchens K.J., Hon C.C., Huang E., Ishizu Y., Kai C., Kasukawa T., Klinken P., Lassmann T., Lecellier C.-H., Lee W., Lizio M., Makeev V., Mathelier A., **Medvedeva Y.A.**, Mejhert N., Mungall C.J., Noma S., Ohshima M., Okada-Hatakeyama M., Persson H., Rizzu P., Roudnický F., Sætrom P., Sato H., Severin J., Shin J.W., Swoboda R.K., Tarui H., Toyoda H., Vitting-Seerup K., Winteringham L., Yamaguchi Y., Yasuzawa K., Yoneda M., Yumoto N., Zabierowski S., Zhang P.G., Wells C.A., Summers K.M., Kawaji H., Sandelin A., Rehli M., Hayashizaki Y., Carninci P., Forrest A.R.R., de Hoon M.J.L. An integrated expression atlas of miRNAs and their promoters in human and mouse. // *Nat Biotechnol.* 2017. T. 35. № 9. C. 872–878.
8. Khamis A.M., Motwalli O., Oliva R., Jankovic B.R., **Medvedeva Y.A.**, Ashoor H., Essack M., Gao X., Bajic V.B. A novel method for improved accuracy of transcription factor binding site prediction. // *Nucleic Acids Res.* 2018. T. 46. № 12. C. e72.
9. Kulakovskiy I.V., Vorontsov I.E., Yevshin I.S., Sharipov R.N., Fedorova A.D., Rumynskiy E.I., **Medvedeva Y.A.**, Magana-Mora A., Bajic V.B., Papatsenko D.A., Kolpakov F.A., Makeev V.J. HOCOMOCO: towards a complete collection of transcription factor binding models for human and mouse via large-scale ChIP-Seq analysis. // *Nucleic Acids Res.* 2018. T. 46. № D1. C. D252–D259.
10. Lioznova A.V., Khamis A.M., Artemov A.V., Besedina E., Ramensky V., Bajic V.B., Kulakovskiy I.V., **Medvedeva Y.A.** CpG traffic lights are markers of regulatory regions in human genome. // *BMC Genomics.* 2019. T. 20. № 1. C. 102.

	<ol style="list-style-type: none"><li data-bbox="656 155 1386 289">11. Mazurov E., Sizykh A., <b>Medvedeva Y.A.</b> HiMoRNA: A Comprehensive Database of Human lncRNAs Involved in Genome-Wide Epigenetic Regulation. // Noncoding RNA. 2022. T. 8. № 1. C. 18.</li><li data-bbox="656 327 1430 426">12. <b>Medvedeva Y.</b>, Shershebnev A. Experimental Design and Bioinformatic Analysis of DNA Methylation Data. // Methods Mol Biol. 2018. T. 1766. C. 175–194.</li><li data-bbox="656 464 1422 667">13. Mukherjee S., Detroja R., Balamurali D., Matveishina E., <b>Medvedeva Y.A.</b>, Valencia A., Gorohovski A., Frenkel-Morgenstern M. Computational analysis of sense-antisense chimeric transcripts reveals their potential regulatory features and the landscape of expression in human cells. // NAR Genom Bioinform. 2021. T. 3. № 3. C. lqab074.</li><li data-bbox="656 705 1425 768">14. Zubritskiy A., <b>Medvedeva Y.A.</b> DNA sequence features in the establishing of H3K27ac. // F1000Res. 2018. T. 7. C. 165.</li></ol>
--	---