

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	ИОГен РАН
Место нахождения	119991, Российская Федерация, г. Москва, ул. Губкина, д. 3
Почтовый адрес	119991, Российская Федерация, г. Москва, ГСП-1, ул. Губкина, д. 3
Телефон	8 (499) 135-62-13
Адрес электронной почты	iogen@vigg.ru
Адрес официального сайта	http://vigg.ru
Список основных публикаций работников организации по теме диссертации за последние 5 лет (не более 15)	<ol style="list-style-type: none"> 1. Abramov S., Boytsov A., Bykova D., Penzar D.D., Yevshin I., Kolmykov S.K., Fridman M.V., Favorov A.V., Vorontsov I.E., Baulin E., Kolpakov F., Makeev V.J., Kulakovskiy I.V. Landscape of allele-specific transcription factor binding in the human genome. // Nat Commun. 2021. Т. 12. № 1. С. 2751. 2. Ambrosini G., Vorontsov I., Penzar D., Groux R., Fornes O., Nikolaeva D.D., Ballester B., Grau J., Grosse I., Makeev V., Kulakovskiy I., Bucher P. Insights gained from a comprehensive all-against-all transcription factor binding motif benchmarking study. // Genome Biol. 2020. Т. 21. № 1. С. 114. 3. Bochkareva O.O., Dranenko N.O., Ocheredko E.S., Kanevsky G.M., Lozinsky Y.N., Khalaycheva V.A., Artamonova I.I., Gelfand M.S. Genome rearrangements and phylogeny reconstruction in <i>Yersinia pestis</i>. // PeerJ. 2018. Т. 6. С. e4545. 4. Busa V.F., Favorov A.V., Fertig E.J., Leung A.K.L. Spatial correlation statistics enable transcriptome-wide characterization of RNA structure binding. // Cell Reports Methods. 2021. Т. 1. № 6. С. 100088. 5. Chekalin E., Rubanovich A., Tatarinova T.V., Kasianov A., Bender N., Chekalina M., Staub K., Koepke N., Rühli F., Bruskin S., Morozova I. Changes in biological pathways during 6,000 years of civilization in Europe. // Molecular biology and evolution. 2019. Т. 36. № 1. С. 127–140. 6. Kolmykov S., Yevshin I., Kulyashov M., Sharipov R., Kondrakhin Y., Makeev V.J., Kulakovskiy I.V., Kel A.,

Kolpakov F. GTRD: an integrated view of transcription regulation. // *Nucleic Acids Research*. 2021. T. 49. № D1. C. D104–D111.

7. 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.
8. Savitskaya E., Lopatina A., Medvedeva S., Kapustin M., Shmakov S., Tikhonov A., Artamonova I.I., Logacheva M., Severinov K. Dynamics of Escherichia coli type I-E CRISPR spacers over 42 000 years. // *Mol Ecol*. 2017. T. 26. № 7. C. 2019–2026.
9. Sethi S., Vorontsov I.E., Kulakovskiy I.V., Greenaway S., Williams J., Makeev V.J., Brown S.D.M., Simon M.M., Mallon A.-M. A holistic view of mouse enhancer architectures reveals analogous pleiotropic effects and correlation with human disease. // *BMC Genomics*. 2020. T. 21. № 1. C. 754.
10. Vorontsov I.E., Fedorova A.D., Yevshin I.S., Sharipov R.N., Kolpakov F.A., Makeev V.J., Kulakovskiy I.V. Genome-wide map of human and mouse transcription factor binding sites aggregated from ChIP-Seq data. // *BMC Res Notes*. 2018. T. 11. № 1. C. 756.