

Сведения о ведущей организации

Полное наименование организации	Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет)»
Сокращенное наименование организации	МФТИ
Место нахождения	141701, Московская область, г. Долгопрудный, Институтский переулок, д.9
Почтовый адрес	141701, Московская область, г. Долгопрудный, Институтский переулок, д.9
Телефон	+7 (495) 408-42-54
Адрес электронной почты	info@mipt.ru
Адрес официального сайта	<a href="https://mipt.ru/">https://mipt.ru/</a>
Список основных публикаций работников организации по теме диссертации за последние 5 лет (не более 15)	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Budkina A, Medvedeva YA, Stupnikov A. Assessing the Differential Methylation Analysis Quality for Microarray and NGS Platforms. Int J Mol Sci. 2023 May 11;24(10):8591.</li> <li>2. Marakulina D, Vorontsov IE, Kulakovskiy IV, Lennartsson A, Drabløs F, Medvedeva YA. EpiFactors 2022: expansion and enhancement of a curated database of human epigenetic factors and complexes. Nucleic Acids Res. 2023 Jan 6;51(D1):D564-D570.</li> <li>3. Mazurov E, Sizykh A, Medvedeva YA. HiMoRNA: A Comprehensive Database of Human lncRNAs Involved in Genome-Wide Epigenetic Regulation. Noncoding RNA. 2022 Feb 8;8(1):18.</li> <li>4. Bonetti A, Agostini F, Suzuki AM,</li> </ol>

Hashimoto K, Pascarella G, Gimenez J, Roos L, Nash AJ, Ghilotti M, Cameron CJF, Valentine M, Medvedeva YA, Noguchi S, Agirre E, Kashi K, Samudyata, Luginbühl J, Cazzoli R, Agrawal S, Luscombe NM, Blanchette M, Kasukawa T, 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 Feb 24;11(1):1018. doi: 10.1038/s41467-020-14337-6. Erratum in: *Nat Commun.* 2021 May 19;12(1):3128

5. Stupnikov A, Sizykh A, Budkina A, Favorov A, Afsari B, Wheelan S, Marchionni L, Medvedeva Y. Hobotnica: exploring molecular signature quality. *F1000Res.* 2021 Dec 8;10:1260. doi: 10.12688/f1000research.74846.2.
6. Matveishina E, Antonov I, Medvedeva YA. Practical Guidance in Genome-Wide RNA:DNA Triple Helix Prediction. *Int J Mol Sci.* 2020 Jan 28;21(3):830.
7. Antonov I, Medvedeva Y. Direct Interactions with Nascent Transcripts Is Potentially a Common Targeting Mechanism of Long Non-Coding RNAs. *Genes (Basel).* 2020 Dec 10;11(12):1483.
8. Antonov IV, Mazurov E, Borodovsky M, Medvedeva YA. Prediction of lncRNAs and their interactions with nucleic acids: benchmarking bioinformatics tools. *Brief Bioinform.* 2019 Mar 22;20(2):551-564.
9. Antonov I, Marakhonov A, Zamkova M, Medvedeva Y. ASSA: Fast identification of statistically significant interactions between long RNAs. *J Bioinform Comput Biol.* 2018 Feb;16(1):1840001.