

Сведения об оппоненте
по диссертации Матвеева Евгения Викторовича
«Предсказание сайтов протеолиза на основе информации о пространственной структуре потенциальных субстратов»,
представленной на соискание ученой степени
кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 - Математическая биология, биоинформатика

Фамилия Имя Отчество (полностью)	Попцова Мария Сергеевна	
Ученая степень и наименование отрасли наук, научных специальностей, по которым защищена диссертация	Степень Кандидат физико- математических наук	Наименование 03.01.02 Биофизика, 01.00.00 Физико- математические науки
Полное наименование организации - основное место работы, должность	Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Национальный Исследовательский Университет «Высшая школа экономики»	Заведующая лабораторией Факультета компьютерных наук / Института искусственного интеллекта и цифровых наук / Международной лаборатории биоинформатики; доцент Факультета компьютерных наук / Департамента больших данных и информационного поиска; академический руководитель образовательной программы «Анализ данных в биологии и медицине»
Список основных публикаций оппонента по теме диссертации в рецензируемых научных изданиях за посл. 5 лет (не более 15)	Cherednichenko O., Poptsova M. Data augmentation with generative models improves detection of Non-B DNA structures // Computers in Biology and Medicine. 2025. Vol. 184. Article 109440. Cherednichenko O, Poptsova M. Kolmogorov-Arnold networks for genomic tasks. Brief Bioinform. 2025 Mar 4;26(2):bbaf129. doi: 10.1093/bib/bbaf129. PMID: 40163820; PMCID: PMC11957273.	

	Cherednichenko O, Herbert A, Poptsova M. Benchmarking DNA large language models on quadruplexes. <i>Comput Struct Biotechnol J</i>. 2025 Mar 7;27:992-1000. Bashkatov, A., Andreyasyan, A., Konovalov, D. et al. Deep learning deciphers the related role of master regulators and G-quadruplexes in tissue specification. <i>Sci Rep</i> 15, 23119 (2025). https://doi.org/10.1038/s41598-025-07579-1 Beknazarov N, Konovalov D, Herbert A, Poptsova M. Z-DNA formation in promoters conserved between human and mouse are associated with increased transcription reinitiation rates. <i>Sci Rep</i>. 2024 Aug 1;14(1):17786. doi: 10.1038/s41598-024-68439-y. PMID: 39090226 Alexander Kirdeev, Konstantin Burkin, Vorobev A., Elena Zbirovskaya, Lifshits G., Poptsova M. Machine learning models for predicting risks of MACEs for myocardial infarction patients with different VEGFR2 genotypes // <i>Frontiers in Medicine</i>. 2024. Vol. 11. Article 1452239 Umerenkov D., Herbert A., Konovalov D., Данилова А. В., Beknazarov N., Kox B., Fedorov A., Poptsova M. Z-flipon variants reveal the many roles of Z-DNA and Z-RNA in health and disease // <i>Life Science Alliance</i>. 2023. Vol. 6. No. 7. P. 1–23. Herbert A., Poptsova M. Z-RNA and the Flipside of the SARS Nsp13 Helicase: Is There a Role for Flipons in Coronavirus-Induced Pathology? // <i>Frontiers in Immunology</i>. 2022. Vol. 13. Article 912717. Beknazarov N., Jin S., Poptsova M. Deep learning approach for predicting functional Z-DNA regions using omics data // <i>Scientific Reports</i>. 2020. Vol. 10. P. 19134.
--	--