

Сведения

об официальном оппоненте по диссертации **Пятницкого Михаила Алексеевича** на тему: «Высокопроизводительное секвенирование в молекулярной онкологии: поиск мишеней и стратификация пациентов для персонализации противоопухолевой терапии», представленной на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.8. – «математическая биология, биоинформатика»

Фамилия, имя, отчество официального оппонента	Полное наименование организации, являющейся основным местом работы официального оппонента и занимаемая им должность	Ученая степень, шифр специальности, по которой защищена диссертация, ученое звание	Список основных публикаций официального оппонента по теме диссертации в рецензируемых научных изданиях за последние 5 лет
Аульченко Юрий Сергеевич	Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук»	доктор биологических наук 03.02.07 - Генетика	1. Boytsov A., Abramov S., Aiusheeva A. Z., Kasianova A. M., Baulin E., Kuznetsov I. A., Aulchenko Y. S., Kolmykov S., Yevshin I., Kolpakov F., Vorontsov I. E., Makeev V. J., Kulakovskiy I. V. ANANASTRA: annotation and enrichment analysis of allele-specific transcription factor binding at SNPs // Nucleic Acids Res. – 2022.10.1093/nar/gkac262 2. Ning Z., Tsepilov Y. A., Sharapov S. Z., Wang Z., Grishenko A. K., Feng X., Shirali M., Joshi P. K., Wilson J. F., Pawitan Y., Haley C. S., Aulchenko Y. S., Shen X. Nontrivial Replication of Loci

		Detected by Multi-Trait Methods // Front Genet. – 2021. – T. 12. – C. 627989. 3. Shashkova T. I., Pakhomov E. D., Gorev D. D., Karssen L. C., Joshi P. K., Aulchenko Y. S. PheLiGe: an interactive database of billions of human genotype-phenotype associations // Nucleic Acids Res. – 2021. – T. 49, № D1. – C. D1347-D1350. 4. Shashkova T. I., Gorev D. D., Pakhomov E. D., Shadrina A. S., Sharapov S. Z., Tsepilov Y. A., Karssen L. C., Aulchenko Y. S. The GWAS-MAP platform for aggregation of results of genome-wide association studies and the GWAS-MAP homo database of 70 billion genetic associations of human traits // Vavilovskii Zhurnal Genet Selektzii. – 2020. – T. 24, № 8. – C. 876-884. 5. Tsepilov Y. A., Sharapov S. Z., Zaytseva O. O., Krumsiek J., Prehn C., Adamski J., Kastenmuller G., Wang-Sattler R., Strauch K., Gieger C., Aulchenko Y. S. A network-based conditional genetic association analysis of the human metabolome //
--	--	--

