

Резюме

Мария Сергеевна Попцова, кандидат физ.-мат. наук
доцент департамента больших данных и информационного поиска
заведующий научно-учебной лабораторией биоинформатики

~~~~~  
Maria Poptsova, Ph.D.

Associate Professor  
Head of the Laboratory of Bioinformatics  
Faculty of Computer Science  
Big Data and Information Retrieval School  
Higher School of Economics  
11 Pokrovsky boulevard, Room T907  
Moscow, 101000  
Tel: +7 (495) 531-00-00 \* 27335

Bioinformatics Group Leader  
Chair of Biophyscis  
Faculty of Physics  
Lomonosov Moscow State University  
Leninskiye Gory 1-2, GSP-1  
Moscow 119991  
Russia  
Tel.: +7 495 939 11 95

Web-site: <https://cs.hse.ru/en/big-data/bioinform/>  
Email: [mpoptsova@hse.ru](mailto:mpoptsova@hse.ru)  
[maria.poptsova@gmail.com](mailto:maria.poptsova@gmail.com)

~~~~~

Образование

| | | |
|-------------|-----------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Июнь 2004 | кандидат физ-мат наук | физический факультет МГУ им. Ломоносова, кафедра биофизики, научные руководители проф. Твердислов В.А. и проф. Гурия Г.Т. |
| Январь 1995 | диплом | физический факультет МГУ им. Ломоносова, кафедра биофизики, научный руководитель проф. Гурия Г.Т. |
| 1993 | студенческий обмен | Группа клеточной биофизики, Институт нейробиологии, Амстердамский университет, Нидерланды (Group Cell Biophysics, Institute of Neurobiology, Amsterdam University, Netherlands) |

Профессиональный опыт (в обратном хронологическом порядке)

| | | |
|-----------------------|--------|--------------------------------------------------------|
| 09/17- наст время, | доцент | факультет компьютерных наук, Высшая Школа Экономики |
|-----------------------|--------|--------------------------------------------------------|

| | | |
|--------------|--------|------------------------------------------------------------|
| 09/16-09/17, | доцент | факультет бизнеса и менеджмента, Высшая Школа Экономики |
|--------------|--------|------------------------------------------------------------|

| | | |
|--------------|-------------------|----------------------------------------------|
| 10/12-09/17, | Научный сотрудник | кафедра биофизики физического факультета МГУ |
|--------------|-------------------|----------------------------------------------|

| | | |
|-------------|-------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 01/10-05/11 | Научный сотрудник | Факультет Патологии и Лабораторной Медицины, Институт Вычислительной Биомедицины, Медицинский колледж Уэйлла-Корнелла, Корнелльский университет (Department of Pathology and Laboratory Medicine, Institute for Computational Biomedicine, Weill Cornell Medical College) |
|-------------|-------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

Краткая информация: работала в лаборатории, занимающейся исследованиями рака простаты. Разработала алгоритм и написала программу по вычислению степени влияния CNVs на биологические пути (в процессе публикации). Занималась анализом данных технологий секвенирования второго поколения с целью найти эндогенные причины разрыва генома при агрессивных формах опухоли.

| | | |
|--------------------------|-------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 4/09-12/09, 2/05-1/08 | Научный сотрудник | Факультет молекулярной и клеточной биологии, Коннектикутский университет (Molecular and Cell Biology Department, University of Connecticut) |
|--------------------------|-------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

Краткая информация: работала по гранту НАСА в рамках программы Applied Information Systems Research (AISR) program (<http://aisrp.nasa.gov/>). Участвовала в разработке алгоритмов по обработке больших массивов данных (в применении к биологическим системам) и реализации данных алгоритмов методом параллельных вычислений на кластерных системах (параллельных суперкомпьютерах) на основе Unix.

| | | |
|-------------|-------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 1997 – 2002 | основатель и совладелец | Janussys, Ltd. (www.janussys.ru) Компьютерно-лингвистическая компания по разработке программного обеспечения |
|-------------|-------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

Краткая информация: компания, работающая в области математической лингвистики, в частности, занимающаяся разработкой алгоритмов машинного перевода и созданием многоязычных словарей. Издатель мультимедийного англо-русского иллюстрированного словаря «Янус» (2002). В настоящее время ведет поиск инвесторов в проект создания системы машинного перевода нового поколения.

| | | |
|--------------------------|----------|---------------------------------------------------------------|
| 7/03-7/04 04/95-06/97 | Аспирант | физический факультет МГУ им. Ломоносова, кафедра биофизики |
|--------------------------|----------|---------------------------------------------------------------|

Член программного комитета конференции и рецензентская деятельность

2010-2012 гг член программного комитета международного симпозиума по биоинформатическим исследованиям и приложениям (ISBRA, International Symposium on Bioinformatics Research and Applications).

ISBRA 2010 – <http://www.cs.gsu.edu/isbra10/?q=committees>

ISBRA 2011 – http://www.cs.gsu.edu/isbra11/?page_id=10

ISBRA 2012 – <http://www.cs.gsu.edu/isbra12/?q=node/2>

2015-2019 член программного комитета IEEE International Conference on Computational Advances in Bio and Medical Sciences (ICCABS)

<https://iccabs.engr.uconn.edu/2015/>

<https://iccabs.engr.uconn.edu/2016/>

<https://iccabs.engr.uconn.edu/2017/>

<https://iccabs.engr.uconn.edu/2018/>

2019: <https://iccabs.engr.uconn.edu>

Член организационного комитета Moscow Conference on Computational Molecular Biology (MCCMB), July 27-30, 2019

<http://mccmb.belozersky.msu.ru/2019/organizers.html>

Рецензент международных научных журналов Bioinformatics, BMC Genomics, Nucleic Acid Research, DNA Research, PloS Computational Biology, PloS ONE, Genes

Публикации

Книги и главы в книгах

Книга "**Genome Analysis: Current Procedures and Applications**", editor Maria Poptsova, 2014, Caister Academic Press, Norfolk, UK, ISBN: 978-1-908230-29-4 <http://www.horizonpress.com/genomeanalysis>.

Larionov, S. A., A. Loskutov, **M. S. Poptsova**, S. D. Rybalko and E. V. Ryadchenko. Visual Genomics., chapter in "Dynamic models of the processes in the cell and subcellular nanostructures" (Eds. A. Rubin and B. Riznichenko), RHD, 2010 (in Russian)

Poptsova M. Testing Phylogenetic Methods to Identify HGT, chapter in "HGT in Flux" (Eds. M. Gogarten, L. Olendzenski and JP Gogarten), Humana Press, 2008.

<http://www.springer.com/life+sciences/genetics+%26+genomics/book/978-1-60327-852-2>

Poptsova M. Computational Techniques for Orthologous Gene Prediction in Prokaryotes. Chapter 9 in "Computational Methods for Understanding Bacterial and Archaeal Genomes" (eds. Y.Xu and J. P. Gogarten), World Scientific Publishing, 2008. <http://www.worldscibooks.com/lifesci/p536.html>

Статьи в реферируемых журналах и сборниках

Shein A., Zaikin A., Poptsova M. Recognition of 3'-end L1, Alu, processed pseudogenes, and mRNA stem-loops in the human genome using sequence-based and structure-based machine-learning models // Scientific Reports. 2019. Vol. 9. No. 7211. P. 1-16. doi: <http://doi.org/10.1038/s41598-019-43403-3>

Cheloshkina K., Poptsova M. Tissue-specific impact of stem-loops and quadruplexes on cancer breakpoints formation // BMC Cancer. 2019. Vol. 19. No. 434. P. 1-17. doi: <http://doi.org/10.1186/s12885-019-5653-x>

- Elen Tevanyan and Maria Poptsova. Machine Learning Applications for Genomic Pattern Recognition Problem. Proceedings of the MACSPPro Workshop 2019 (MACSPPro 2019), Vienna, Austria, March 21-23, 2019, p 139-148. <http://ceur-ws.org/Vol-2478/> (<http://ceur-ws.org/Vol-2478/paper12.pdf>)
- Kurilovich Anna and Maria Poptsova. The relationship between DNA secondary structures, epigenetic markers and structural somatic mutations in cancer genomes. Сборник трудов 43-й междисциплинарной школы-конференции ИППИ РАН "Информационные технологии и системы 2019". Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН, Пермь 17-22 сентября, 2019.
- Nazar Beknazarov and Maria Poptsova. Глубинные нейронные сети для распознавания участков Z-ДНК и их паттернов ассоциации с гистонными метками. Сборник трудов 43-й междисциплинарной школы-конференции ИППИ РАН "Информационные технологии и системы 2019". Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН, Пермь 17-22 сентября, 2019.
- Арина Ностаева и Мария Попцова. Распознавание общих и тканеспецифичных паттернов ассоциации квадруплексов и модификаций гистонов моделями глубинного обучения. Сборник трудов 43-й междисциплинарной школы-конференции ИППИ РАН "Информационные технологии и системы 2019". Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН, Пермь 17-22 сентября, 2019.
- Дмитрий Коновалов и Мария Попцова. Роль CpG метилирования квадруплексов в эпигенетической регуляции. Сборник трудов 43-й междисциплинарной школы-конференции ИППИ РАН "Информационные технологии и системы 2019". Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН, Пермь 17-22 сентября, 2019.
- Дарья Афентьева и Мария Попцова. Определение расположения нуклеосом в геноме *Saccharomyces cerevisiae* методами машинного обучения. Сборник трудов 43-й междисциплинарной школы-конференции ИППИ РАН "Информационные технологии и системы 2019". Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН, Пермь 17-22 сентября, 2019.
- Darya Afenteva , Mikhail Orlov , Maria Poptsova. Joint mechanical, thermodynamic and electrostatic machine-learning model for prediction of nucleosome positions. Proceedings of 9th Moscow Conference on Computational Molecular Biology MCCMB'19, July 27-30, 2019. <http://mccmb.belozersky.msu.ru/2019/thesis/MCCMB2019/abstracts/205.pdf>
- Arina Nostayeva and Maria Poptsova. Patterns of associations of G-quadruplexes and histonemodifications in human stem cells and brain tissue. Proceedings of 9th Moscow Conference on Computational Molecular Biology MCCMB'19, July 27-30, 2019 <http://mccmb.belozersky.msu.ru/2019/thesis/MCCMB2019/abstracts/184.pdf>
- Anna Kurilovich and Maria Poptsova. The relationship between DNA secondary structures, epigenetic markers, transcription factors and structural somatic mutations in cancer genomes. Proceedings of 9th Moscow Conference on Computational Molecular Biology MCCMB'19, July 27-30, 2019. <http://mccmb.belozersky.msu.ru/2019/thesis/MCCMB2019/abstracts/213.pdf>
- Dmitry Kononov and Maria Poptsova. Role of guanine quadruplexes CpG methylation in epigenetic regulation. Proceedings of 9th Moscow Conference on Computational Molecular Biology MCCMB'19, July 27-30, 2019. <http://mccmb.belozersky.msu.ru/2019/thesis/MCCMB2019/abstracts/199.pdf>
- Tevanyan E., Poptsova M. Searching for non-b-dna structures as nucleosome barriers with machine learning methods, in: The proceedings of International congress «Biotechnology: state of the art and perspectives» February 25 - 27, 2019. LLC "Red Group", 2019. P. 361-362. <http://www.biomos.ru/conference/articles.htm>
- Shein A., Zaikin A., Poptsova M. Sequence-based and structure-based machine-learning models for recognition of 3'-end I1 and alu stem-loops in human genome, in: The proceedings of International congress «Biotechnology: state of the art and perspectives» February 25 - 27, 2019. LLC "Red Group", 2019. P. 354-

354. <http://www.biomos.ru/conference/articles.htm>
- Tevanyan E., Poptsova M. Recognizing Patterns of Nucleosome and DNA Structures Positioning, in: Proceedings 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine. Madrid : IEEE, 2018. P. 2808-2809. doi: <http://doi.org/10.1109/BIBM.2018.8621412>
- Cheloshkina K. S., Poptsova M. Machine-learning models for cancer breakpoints prediction based on DNA structure distributions, in: Сборник трудов 42-й междисциплинарной школы-конференции ИППИ РАН "Информационные технологии и системы 2018". Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН, 2018. P. <http://itas2018.iitp.ru/papers/>
- Shein A. V., Poptsova M. Recognition of 3' UTR stem-loop in LINE transposons across the tree of life by machine learning methods, in: Сборник трудов 42-й междисциплинарной школы-конференции ИППИ РАН "Информационные технологии и системы 2018". Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН, 2018. P. <http://itas2018.iitp.ru/papers/>
- Tevanyan E., Poptsova M. Recognizing Patterns of Nucleosome and DNA Structures Positioning, in: Сборник трудов 42-й междисциплинарной школы-конференции ИППИ РАН "Информационные технологии и системы 2018". Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН, 2018. P. <http://itas2018.iitp.ru/papers/>
- Tevanyan E., Poptsova M. Recognizing Patterns of Nucleosome and DNA Structures Positioning, in: Proceedings 2018 IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine. Madrid : IEEE, 2018. P. 2808-2809. doi: <http://doi.org/10.1109/BIBM.2018.8621412>
- Маткаримов О. О., Поливода Д. Э., Попцова М. С. Поиск паттернов ассоциации между функциональными элементами генома // В кн.: Доклады Международной конференции "Математическая биология и биоинформатика" / Под общ. ред.: В. Д. Лахно. Т. 7. Пушино : Государственное учреждение Институт математических проблем биологии РАН, 2018. Гл. 57. С. 1-3. doi: <http://doi.org/10.17537/icmbb18.82>
- Гречишникова Д.А., Попцова М.С. (2017) Распознавание структур стебель-петля транспозонов человека и прогнозирование их функции при помощи модели машинного обучения, Известия вузов. Северо-Кавказский регион. Естественные науки, № 4-1, с. 63-69.
- Grechishnikova D., Poptsova M. The Physical and Geometric Properties of Human Transposon Stem–Loop Structures under Natural Selection. *Biophysics*, 2017, Volume 62, Issue 6, pp 857–864, <http://doi.org/10.1134/S0006350917060070>
- Grechishnikova D., Poptsova M. (2016) Conserved 3' UTR stem-loop structure in L1 and Alu transposons in human genome: possible role in retrotransposition, *BMC Genomics*, 17, N 1, p. 992 doi: 10.1186/s12864-016-3344-4
- Il'icheva Irina A., Khodikov Mingian V., Poptsova Maria S., Nechipurenko Dmitry Yu, Nechipurenko Yury D., Grokhovsky Sergei L. (2016) Structural features of DNA that determine RNA polymerase II core promoter, *BMC Genomics*, 17, p. 973 DOI: 10.1186/s12864-016-3292-z
- Grechishnikova D., Poptsova M. (2016) DNAStructProfiler: An automated pipeline for reconstruction of DNA/RNA secondary structures conservation profiles, в сборнике Математическая биология и биоинформатика: Доклады VI Международной конференции. Пушино, 16-21 октября 2016 г, место издания Федеральный исследовательский центр Институт прикладной математики имени М.В.Келдыша, Институт математических проблем биологии РАН Пушино, с. 134-135
- Zaikin A.V.1, Poptsova M.S (2016) Selection of stem-loops in the promoter regions of transcription factors by an evolutionary algorithm, в сборнике Математическая биология и биоинформатика: Доклады VI Международной конференции. Пушино, 16-21 октября 2016 г, место издания Федеральный исследовательский центр Институт прикладной математики имени М.В.Келдыша, Институт математических проблем биологии РАН Пушино, с. 110-111
- Nechipurenko D.Y., Il'icheva I.A., Khodikov M.V., Poptsova M.S., Nechipurenko Y.D., Grokhovsky S.L. (2014) Modeling of mechanochemical DNA cleavage by the action of ultrasound, *Biofizika*. 2014 Nov-Dec;59(6):1061-70.

- Poptsova MS, Il'icheva IA, Nechipurenko DY, Panchenko LA, Khodikov MV, Oparina NY, Polozov RV, Nechipurenko YD, Grokhovsky SL (2014) Non-random DNA fragmentation in next-generation sequencing, *Sci Rep*. 2014 Mar.
- Poptsova M, Banerjee S, Gokcumen O, Rubin MA, Demichelis F. (2013) Impact of constitutional copy number variants on biological pathway evolution. *BMC Evol Biol*. 2013 Jan 23;13:19. doi: 10.1186/1471-2148-13-19.
- Mao F, Williams D, Zhaxybayeva O, Poptsova M, Lapierre P, Gogarten JP, Xu Y. (2012) Quartet decomposition server: a platform for analyzing phylogenetic trees *BMC Bioinformatics*. 2012 Jun 7;13:123. doi:10.1186/1471-2105-13-123
- Maria Poptsova, Samprit Banerjee, Francesca Demichelis (2012) Impact of Copy Number Variants on Biological Pathways Across Populations: Tuning Effect of Pathway Evolution (*submitted*)
- Fenglou Mao, David Williams, Olga Zhaxybayeva, Maria Poptsova, Pascal Lapierre, J Peter Gogarten, Ying Xu (2012) Quartet decomposition server: a platform for analyzing phylogenetic trees. *BMC Bioinformatics* (accepted)
- Rybalko S, Larionov S, Poptsova M, Loskutov A. (2011) Intermittency as a universal characteristic of the complete chromosome DNA sequences of eukaryotes: from protozoa to human genomes. *Phys Rev E Phys. Rev. E* 84, 042902.
<http://pre.aps.org/abstract/PRE/v84/i4/e042902>
- Samprit Banerjee, Derek Oldridge, Maria Poptsova, Wasay M. Hussain, Dimple Chakravarty, Francesca Demichelis (2010) A computational framework discovers new copy number variants with functional importance. *PLoS One*. 2011 Mar 29;6(3):e17539.
<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0017539>
- Poptsova MS, Gogarten JP (2010) Using comparative genome analysis to identify problems in annotated microbial genomes. *Microbiology* 156, 1909-1917; DOI 10.1099/mic.0.033811-0
<http://mic.sgmjournals.org/content/156/7/1909.long>
- Poptsova MS, Larionov SA, Ryadchenko EV, Rybalko SD, Zakharov IA, et al. (2009) Hidden Chromosome Symmetry: In Silico Transformation Reveals Symmetry in 2D DNA Walk Trajectories of 671 Chromosomes. *PLoS ONE* 4(7): e6396. doi:10.1371/journal.pone.0006396
<http://www.plosone.org/article/info:doi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0006396>
- Poptsova M. Testing phylogenetic methods to identify horizontal gene transfer. *Methods Mol Biol*. (2009); 532:227-40
<http://www.springerlink.com/content/thk34317x8344k57/>
- Hamel L, Nahar N, Popstova MS, Zhaxybayeva O, Gogarten JP (2008) Unsupervised learning in detection of gene transfer. *J. Biomed Biotech* 2008, doi: 10.1155/2008/472719
<http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?tool=pubmed&pubmedid=18509479>
- Hamel, L., Nahar, N., Poptsova, M.S., Zhaxybayeva, O. and Gogarten, J.P. (2007) Proceeding of the IEEE Conference Frontiers in the Convergence of Bioscience and Information Technologies (FBIT 2007), October 2007, pp317 - 321, IEEE Press, ISBN 0-7695-2999-2
- Nahar, Neha, Popstova, Maria S., Hamel, Lutz, and Gogarten, J. Peter (2007) GPX: A Tool for the Exploration and Visualization of Genome Evolution. Proceedings of the IEEE 7th International Symposium on Bioinformatics & Bioengineering (BIBE07) Boston, pp1338 - 1342, IEEE Press, ISBN 1-4244-1509-8.
http://www.ieeexplore.ieee.org/xpl/freeabs_all.jsp?isnumber=4375521&arnumber=4375743&count=257&index=221
- Poptsova MS, Gogarten JP (2007) BranchClust: A phylogenetic algorithm for selecting gene families. *BMC Bioinformatics* 8:120
<http://www.biomedcentral.com/1471-2105/8/120/>
- Poptsova MS, Gogarten JP (2007) The power of phylogenetic approaches to detect horizontally transferred genes. *BMC Evolutionary Biology* 7:45
<http://www.biomedcentral.com/1471-2148/7/45/>
- Poptsova M.S., Guria G.T.: Autowave Tunneling Through a Non-excitable Area of Active Media. *Biophysics* 2003, 48, issue 6, 1116-1122 (in Russian).

Poptsova M.S., Guria G.T.: Autowave Tunneling Through a Non-excitabile Area of Active Media. *General Physiology and Biophysics* 1997: **16**: 241-261. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/9452946>
Siegenbeek van Heukelom J., H.G.J. van Mil, M.S. Poptsova, R.Dounaid: What is Controlling the Cell Membrane Potential? *Modern Trends in BioThermoKinetics* 1994, **3**: 169-173
<http://www.oroboros.at/index.php?id=ref-btk1994>

Web-sites:

DNA Punctuation: program that searches for and visualizes short palindromes and direct repeats

<http://www.dnapunctuation.com>

BranchClust: algorithm for selecting gene families 2005-2008:

<http://www.bioinformatics.org/branchclust>

SOM map as a novel method to visualize genome evolution (under construction) 2005-2007:

<http://bioinformatics.cs.uri.edu/gene-vis/template/>

GPX: Genome Phylogeny Explorer

<http://www.bioinformatics.cs.uri.edu/gpx/>

Лекции по приглашению

"Automated Assembly of Gene Families and Detection of Horizontally Transferred Genes". Invited lecture at University of California Berkeley, CA, December 21, 2010.

"Automated Assembly of Gene Families and Detection of Horizontally Transferred Genes". Invited lecture at the National Center for Biotechnology Information, Bethesda, MD, November 30, 2009.

"Automated Assembly of Gene Families and Detection of Horizontally Transferred Genes". Invited lecture at Weill Cornell Medical College, New York, NY, October 19, 2009.

"Computational Techniques for Orthologous Gene Prediction in Prokaryotes", Invited lecture at the Physics Department, Moscow State University, Russia, October 29, 2008.

"BranchClust: a phylogenetic algorithm for selecting gene families", Invited lecture at the XVII NEMEB Meeting (New England Molecular Evolutionary Biologists), November 4, 2006, University of Massachusetts Amherst, MA

"Automated Assembly of Gene Families and Detection of Horizontally Transferred Genes". Invited lecture at the workshop on Comparative Genome Analysis of Bacterial Genomes and Applications. Computational Systems Bioinformatics Conference (CSB2006), The Life Science Society, August 14-18, 2006. Stanford, CA

"Horizontal Gene Transfer and Microbial Evolution: Testing Methods of Detection", Invited lecture at the University of Rhode Island, February 2006

Презентации на Конференциях

Попцова М.С., Гречишников Д.А.: *DNAStructProfiler: автоматизированное построение профилей консервативности вторичных структур ДНК/РНК* (Устный), VI Международная конференция «Математическая биология и биоинформатика». Пущино, 16-21 октября 2016 г.

Заикин А.В., Попцова М.С.: *Отбор структур стебель-петля в промоторных областях транскрипционных факторов с помощью эволюционного алгоритма*: VI Международная конференция «Математическая биология и биоинформатика». Пущино, 16-21 октября 2016 г.

Заикин А.В., Попцова М.С.: *Регуляция транскрипционных факторов и вторичные структуры ДНК*, Международная научная конференция "Молекулярные, мембранные и клеточные основы функционирования биосистем" и XII съезд Белорусского общественного объединения

- фотобиологов и биофизиков, Минск, Беларусь, 28-30 июня 2016
- Grechishnikova Daria, Poptsova Maria: *DNAStructProfiler: An automated pipeline for reconstruction of DNA/RNA secondary structures conservation profiles*, 12th International Symposium on Bioinformatics Research and Applications (ISBRA), Minsk, Belarus, June 5-8, 2016
- Нечипуренко Ю.Д., Попцова М.С., Нечипуренко Д.Ю., Ходыков М.В., Ильичева И.А., Гроховский С.Л.: *Закономерности фрагментации ДНК при секвенировании и физическое картирование генома*; V Съезд биофизиков России, Южный Федеральный университет, Материалы докладов, Издательство Южного Федерального университета Ростов-на-Дону, том 1, тезисы, с. 22-22. Ростов-на-Дону, Россия. 4-10 октября 2015 года.
- Нечипуренко Д.Ю., Ильичева И.А., Попцова М.С., Нечипуренко Ю.Д., Полозов Р.В., Расщепление ДНК как механохимическое явление Гроховский С.Л.: *Расщепление ДНК как механохимическое явление*: V Съезд биофизиков России, Южный Федеральный университет, Ростов-на-Дону, 4-10 октября 2015 года, Материалы докладов, место издания Издательство Южного Федерального университета Ростов-на-Дону, том 1, тезисы, с. 37-37. Ростов-на-Дону, Россия. 4-10 октября 2015 года.
- Tverdislov V.A., Poptsova M.S. (oral presentation): *Relevance of a mathematical model of chiral hierarchies with alternating signs*: 4th International Conference on Mathematical Biology and Bioinformatics, Pushchino, Russia, October 14-19, 2012.
- Poptsova M (oral presentation): *The cancer biomarker identification problems*: International Conference "Instabilities and Control of Excitable Networks: From macro- to nano-systems" May 25-30, 2012 Dolgoprudny, Russia.
- Larionov S., Rybalko, Poptsova M. and Loskutov A (oral presentation): *Intermittency as a universal characteristics of the complete chromosome DNA sequences of eukaryotes: From protozoa to human genomes*, XXXI Dynamics Days in Europe, Oldenburg, Germany, September 12-16, 2011.
- Fenglou Mao, Maria Poptsova, David Williams, Olga Zhaxybayeva, Peter Gogarten and Ying Xu: *Quartet Decomposition Server: A Platform For Analyzing Phylogenetic Trees*, 6th International Symposium on Bioinformatics Research and Applications, Storrs, CT, May 23-26, 2010.
- Maria Poptsova, Kristen Swithers, David Williams, Pascal Lapierre, Kenneth Noll, J. Peter Gogarten: *Detection and Analyses of Horizontal Gene Transfers in Thermotogales*, Genome Informatics, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY, October 27-30, 2009.
- Olga Zhaxybayeva, J. Peter Gogarten, Maria Poptsova, R. Thane Papke and W. Ford Doolittle: *Evolution of Prochlorococcus and marine Synechococcus: an update*, CIFAR Integrated Microbial Biodiversity program meeting, Vancouver, BC, October 9-12, 2007
- Larionov S.A., Loskutv A. Yu., Ryadchenko E.V., Poptsova M.S., Zakharov I.A.: *Visual genomics: Gigantic palindrome disintegration as a common event of genomes evolution*: Moscow Conference on Computational Molecular Biology (MCCMB'07) Moscow, Russia, 27-30 July 2007
- Larionov S.A., Loskutov A. Yu., Ryadchenko E.V., Poptsova M.S., Zakharov I.A.: *Visual Genomics and Distributed Context Correlation Analysis: Gigantic Palindrome Disintegration as a Common Event of Genomes Evolution, Possible Origin of Function Diversity and Co-functionality*. 15th Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) & 6th European Conference on Computational Biology (ECCB), Austria, Vienna, July 19-20, 2007
- Larionov S.A., Loskutv A. Yu., Ryadchenko E.V., Poptsova M.S., Zakharov I.A.: *Visual genomics: Gigantic palindrome disintegration as a common event of genomes evolution*, Physical and Chemical Foundations of Bioinformatics Methods International workshop, June 18 - 22, 2007, MPIPKS, Dresden, Germany
- Maria Poptsova, Timothy J. Harlow and J. Peter Gogarten: *The Power of Phylogenetic Approaches to Detect Horizontally transferred Genes*, presented at the Phylogenomics Conference, Saint-Adèle, Québec, Canada, March 15-19 2006.
- Poptsova M.S., Guria G.T.: *Autowave Tunneling Through a Non-excitable Area of Active Media*. Thesis on international conference Self-organization Criteria in Physical, Chemical and Biological Systems. Souzdal 1995.

Преподавание

“Биоинформатика” – спецкурс для магистров первого года кафедры биофизики и кафедры медицинской физики Физического факультета МГУ им. Ломоносова

“Вычислительная молекулярная биология” – спецкурс для магистров второго года кафедры биофизики и кафедры медицинской физики Физического факультета МГУ им. Ломоносова

“Методы биоинформатики” – спецкурс для аспирантов Физического факультета МГУ им. Ломоносова

“Физика” – семинары по физике для студентов второго курса на факультете биоинженерии и биоинформатики МГУ им. Ломоносова

“Predictive Modeling” – курс для магистров второго года обучения программы “Big Data Systems” на факультете бизнеса и менеджмента ВШЭ

“Введение в бистабильные и возбудимые среды” – спецпрактикум для студентов четвертого курса Физического факультета МГУ им. Ломоносова.

“Perl Programming for Biologists” – course for graduate students at the Molecular and Cell Biology Department, University of Connecticut

Научное руководство

14 дипломных работ

1 аспирантская работа