

Работы по биоинформатике и вычислительной биологии сотрудников, аспирантов и студентов кафедры «Компьютерные технологии» Университета ИТМО

Защищенные диссертации

1. **Сергушичев А.А.** Методы вычислительного анализа метаболических моделей для интерпретации транскриптомных и метаболомных данных. Диссертация на соискание ученой степени кандидата технических наук. СПбГУ ИТМО, 2016. Руководитель – М. Артемов.
2. **Казаков С.В.** Автоматизация сборки генома и сравнительного анализа метагеномов для обучения геномной биоинформатике. Диссертация на соискание ученой степени кандидата технических наук. СПбГУ ИТМО, 2016. Руководитель – А.А. Шалыто.

2. Перечень работ по государственным контрактам, субсидиям и грантам

1. **2011-2013.** Федеральная целевая программа «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009–2013 годы. «Проведение научных исследований научными группами под руководством докторов наук». Открытый конкурс на выполнение НИР в следующих областях: биокаталитические, биосинтетические и биосенсорные технологии; биомедицинские и ветеринарные технологии жизнеобеспечения и защиты человека и животных; геномные и постгеномные технологии создания лекарственных средств; клеточные технологии; биоинженерия; биоинформационные технологии. Тема: **«Разработка метода сборки геномных последовательностей на основе восстановления фрагментов по парным чтениям»**. Руководитель – А.А. Шалыто.
2. **2011-2013.** Федеральная целевая программа «Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2007-2013 годы» «Проведение проблемно-ориентированных поисковых исследований и создание научно-технического задела по перспективным технологиям в области информационно-телекоммуникационных систем». Тема: **«Разработка алгоритмов сборки геномных последовательностей для систем экзафлопсного уровня производительности»**. Руководитель – А.А. Шалыто.
3. **2012, 2013.** Государственное задание Министерства образования и науки РФ. Тема: **«Разработка алгоритмов генетического программирования и сборки генома»**. Руководитель – А.А. Шалыто.
4. **2012, 2013.** Федеральная целевая программы «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009–2013 годы. «Поддержка исследований, проводимых коллективными **научно-образовательных центров**» по научному направлению «Науки о жизни. Живые системы» в области «Геномные, протеомные и постгеномные технологии». Тема: **«Разработка методов сборки генома, транскриптома и динамического анализа протеома»**. Руководитель – А.А. Шалыто.
5. **2014, 2015.** Конкурс инициативных научных проектов Российского фонда фундаментальных исследований, выполняемых молодыми учеными «Мой первый грант». Александров А.В., Капун Е.Д. **Разработка метода сборки генома из чтений, содержащих ошибки вставки и удаления.**
6. **2017-2019.** Государственное задание Министерства образования и науки РФ. Тема: **«Разработка алгоритмов анализа метаболических и сигнальных сетей для идентификации модулей, регулирующих клеточную адаптацию»**. Руководитель – А.А. Шалыто.

3. Публикации

1. **Александров А.В., Казаков С.В., Мельников С.В., Сергушичев А.А. Царев Ф.Н., Шалыто А.А.** Метод исправления ошибок в наборе чтений нуклеотидной последовательности //Научно-технический вестник Санкт-Петербургского государственного университета информационных технологий, механики и оптики. 2011. № 5, с. 81-84.
2. **Александров А.В., Казаков С.В., Мельников С.В., Сергушичев А.А. Царев Ф.Н.** Метод сборки контигов геномных последовательностей на основе совместного применения графов де Брюйна и графов перекрытий //Научно-технический вестник Санкт-Петербургского государственного университета информационных технологий, механики и оптики. 2012. № 6, с. 93-98.
3. **Сергушичев А.А., Царев Ф.Н.** Сборка генома и технология *MapReduce* // Суперкомпьютеры. 2012. № 4, с. 40-43.
4. **Alexandrov A., Kazakov S., Melnikov S., Sergushichev A., Shalyto A., Tsarev F.** Combining de Bruijn graph, overlaps graph and microassembly for de novo genome assembly / Proceedings of «Bioinformatics 2012». Stockholm, 2012, p.72.
5. **Klebanov A., Burdett T., Kapushesky M.** Distributed Atlas: a Rule-based System for Query Federation over Semantically Aligned Gene Expression Data Sources / 8th International Conference on the Bioinformatics of Genome Regulation and Structure Systems Biology (BGRS / SB-2012). Novosibirsk. 2012, p. 148.
6. **Alexandrov A., Fedotov P., Kazakov S., Melnikov S., Sergushichev A., Tsarev F. et al.** Assemblathon 2: Evaluating de novo Methods of Genome Assembly in Three Vertebrate Species // Giga Science. 2013. V.2. No 10. Open Access.
7. **Kapun E., Tsarev F.** De Bruijn Superwalk with Multiplicities Problem is NP-hard / RECOMB-seq 2013. Book of Abstracts. Tsinghua University. 2013, p. 15. Из рецензии на этот доклад: «This is an exciting result and an important contribution to our understanding of the theoretical limitations of genome assembly» / «**Это захватывающий результат и важный вклад в наше понимание теоретических ограничений сборки генома**». http://is.ifmo.ru/articles_en/2013/kapun-de-bruijn-superwalk.pdf.
8. **Kapun E., Tsarev F.** On NP-Hardness of the Paired de Bruijn Sound Cycle Problem // Lecture Notes in Bioinformatics. 2013, Vol. 8128, pp. 59-69 /13th Workshop on Algorithms in Bioinformatics. Sophia Antipolis, France. 2013.
9. **Akhi A., Sergushichev A., Tsarev F.** Maximum Likelihood Scaffold Assembly / 17th Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology. RECOMB 2013. Book of Abstracts. Tsinghua University. 2013, p. 156.
10. **Сергушичев А. А., Александров А. В., Казаков С. В., Царев Ф. Н., Шалыто А. А.** Совместное применение графа де Брюйна, графа перекрытий и микросборки для *de novo* сборки генома //Изв. Сарат. ун-та. Нов.сер. Сер. «Математика. Механика. Информатика». 2013. Вып. 2. Ч. 2, с. 51-57.
11. **Mardanov A., Toymentseva A., Kazakov S. et al.** Draft Genome Sequence of *Serratia Grimesii* Strain A2 // Genome Announcements. V.2. 2014. No 5, e00937-14.
12. **Kazakov S., Shalyto A.** Overlap Graph Simplification Using Edge Reliability Calculation / 8th International Conference Intelligent Systems and Agents. 2014. Lisbon, Portugal, pp. 220-226.
13. **Jha A., Ching-Cheng Huang S., Sergushichev A. et al.** Parallel Metabolic and Transcriptional Data Reveals Metabolic Modules that Regulate Macrophage Polarization Distinct Metabolic Modules Promote Macrophage Polarization // **Immunity**. 2015. V. 42, № 3, pp. 419-430. **Импакт-фактор (IF): 20!**
14. **Vincent E., Sergushichev A., Griss T. et al.** Mitochondrial Phosphoenolpyruvate Carboxykinase Regulates Metabolic Adaptation and Enables Glucose-Independent Tumor Growth // **Molecular Cell**. 2015. Vol.60, Issue 2, pp. 195-207. **5-Year IF: 15.052. IF: 14.018. SJR: 10.968.**

15. *Glotov A., Kazakov S., Zhukova E., Alexandrov A., Glotov O., Pakin V., Danilova M., Tarkovskaya I., Niyazova S., Chakova N., Komissarova S., Kurnikova E., Sarana A., Sherbak S., Sergushichev A., Shalyto A., Baranov V.* Targeted next-generation sequencing (NGS) of nine candidate genes with custom AmpliSeq in patients and a cardiomyopathy risk group // *Clinica Chimica Acta*. 2015. V. 446, pp.132-140. **IF: 2.7.**
16. *Ulyantsev V., Melnik M.* Constructing Parsimonious Hybridization Networks from Multiple Phylogenetic Trees Using a SAT-solver /2nd International Conference on Algorithms for Computational Biology (AICoB 2015). Мехико. Algorithms for Computational Biology. Lecture Notes in Computer Science. V. 9199, pp. 141-153.
17. *Campbell J., Alexandrov A., Kim J. et al.* Distinct Patterns of Somatic Genome Alterations in Lung Adenocarcinomas and Squamous Cell Carcinomas // *Nature Genetics*. 2016. V. 48. No 6, pp. 607-616. **IF: 31.616. SJR: 23.762!!!**
18. *Lampropoulou V., Sergushichev A., Bambouskova M. et al.* Itaconate Links Inhibition of Succinate Dehydrogenase with Macrophage Metabolic Remodeling and Regulation of Inflammation // *Cell Metabolism*. 2016. V. 24. No. 1, pp. 158-166. **IF: 17.565, SJR: 9.487.**
19. *Lu Q., Yokoyama C., Sergushichev A. et al.* Homeostatic Control of Innate Lung Inflammation by Vici Syndrome Gene *Epg5* and Additional Autophagy Genes Promotes Influenza Pathogenesis // *Cell Host&Microbe*. 2016. V.19, pp. 102-113. **IF: 12.328. SJR: 6.8.**
20. *Sergushichev A., Loboda A., Jha A. et al.* GAM: a Web-Service for Integrated Transcriptional and Metabolic Network Analysis // *Nucleic Acids Research*.2016. V.44. No. 1, pp.194-200. **IF: 9.112, SJR: 6.16.**
21. *Ulyantsev V., Kazakov S., Dubinkina V., Tyakht A., Alexeev D.* MetaFast: Fast Reference-free Graph-Based Comparison of Shotgun Metagenomic Data // *Bioinformatics*. 2016. V.32. No. 18, pp. 2760-2767. **5-Yr IF: 8.136, IF: 4.981.**
22. *Izreig S., Samborska B., Johnson R.M., Sergushichev A. et al.* The miR-17 similar to 92 microRNA Cluster Is a Global Regulator of Tumor Metabolism // *Cell Reports*. 2016. Vol. 16. No. 7, pp. 1915-1928. **IF: 7.87.**
23. *Putin E., Mamoshina P., Aliper A. et al.* Deep Biomarkers of Human Aging: Application of Deep Neural Networks to Biomarker Development // *Aqing Journal*. 2016. V. 8. No. 5, pp. 1021-1033. **IF: 6.4, SJR: 2.5.**
24. *Dubinkina V., Ischenko D., Ulyantsev V., Tyakht A., Alexeev D.* Assessment of k-mer Spectrum Applicability for Metagenomic Dissimilarity Analysis / *BMC Bioinformatics*. 2016, 17:38. Open Access. **IF: 2.56, SJR: 1.72.**
25. *Loboda A., Artyomov M., Sergushichev A.* Solving Generalized Maximum-Weight Connected Subgraph Problem for Network Enrichment Analysis / *Algorithms in Bioinformatics*. 16th International Workshop (WABI 2016). Lecture Notes in Computer Science. V. 9836, pp. 210-221.
26. *Александров А.В., Шалыто А.А.* Метод исправления ошибок вставки и удаления в наборе чтений нуклеотидной последовательности // *Научно-технический вестник информационных технологий, механики и оптики*. 2016. № 1, с. 108-114.
27. *Казаков С., Шалыто А.* Анализ геномных и метагеномных данных в образовательных целях // *Компьютерные инструменты в образовании*. 2016. № 3, с. 5-15.
28. *Сергушичев А.А.* Алгоритм кумулятивного вычисления статистики представления набора генов // *Научно-технический вестник информационных технологий, механики и оптики*. 2016. № 5, с. 956-959.

4. Свидетельства о регистрации программ для ЭВМ

1. *Александров А. В., Исенбаев В. В., Казаков С. В., Мельников С. В., Сергушичев А. А., Царев Ф. Н.* Программное средство для удаления ошибок из набора чтений нуклеотидной последовательности // Свидетельство о регистрации программы для ЭВМ. № 2011 614454. Дата регистрации – 06.06.2011.

2. Александров А.В., Казаков С.В., Мельников С.В., Сергушичев А.А., Федотов П.В., Царев Ф.Н. Программное средство для сборки квазиконтигов из парных чтений // Свидетельство о регистрации программы для ЭВМ. № 2012 616774. Дата регистрации – 27.07.2012.

3. Александров А.В., Казаков С.В., Царев Ф.Н., Сергушичев А.А., Федотов П.В., Программное средство, реализующее алгоритм поиска перекрытий между квазиконитигами // Свидетельство о регистрации программы для ЭВМ. № 2013 616471. Дата регистрации – 09.07.2013.

4. Александров А.В., Казаков С.В., Царев Ф.Н., Сергушичев А.А., Федотов П.В. Программное средство, реализующее запуск этапов сборки генома через графический интерфейс пользователя // Свидетельство о регистрации программы для ЭВМ. № 2013 619155. Дата регистрации – 26.09.2013.

5. Александров А.В., Казаков С.В., Сергушичев А.А. Программное средство, реализующее алгоритм упрощения графа перкрытий при сборке геномных последовательностей // Свидетельство о регистрации программы для ЭВМ. № 2013 660881. Дата регистрации – 21.11.2013.

6. Александров А.В., Казаков С.В., Сергушичев А.А. Программное средство, реализующее алгоритм исправления ошибок вставки и удаления в наборе чтений нуклеотидной последовательности // Свидетельство о регистрации программы для ЭВМ. № 2013 660882. Дата регистрации – 21.11.2013.

Текст о некоторых проводимых нами работах по биоинформатике приведен здесь: <http://is.ifmo.ru/genom/kt-bioinformatics.pdf>.