

	<p>Мелешко Дмитрий Алексеевич доцент PhD</p>
<p>Научные интересы</p>	<ul style="list-style-type: none"> ✓ Анализ данных NGS ✓ Геномная сборка ✓ Алгоритмы в биоинформатике
<p>Перечень исследовательских проектов потенциального научного руководителя (участие/руководство)</p>	<ul style="list-style-type: none"> ✓ Контроль качества геномных сборок ✓ Геномная сборка немодельных организмов ✓ Адаптация алгоритмов сборки для поиска и характеристики генов антибиотикорезистентности ✓ Сравнительная геномика немодельных организмов
<p>Перечень возможных тем для исследования</p>	<ul style="list-style-type: none"> ✓ Разработка алгоритмов улучшения T2T диплоидных сборок ✓ Разработка алгоритмов и программ оценки качества T2T сборок ✓ Адаптация сборщика SPAdes к поиску AMR генов в данных метагеномного секвенирования ✓ Приложения методов пангеномики для улучшения поиска структурных вариаций и решения задач популяционной генетики
<p>Количество публикаций в журналах, индексируемых в базах данных Web of Science, Scopus, RSCI, за последние 5 лет</p>	<p>8</p>
<p>Основные публикации</p>	<ol style="list-style-type: none"> 1. Meleshko D., Prjbelski A.D., Raiko M., Tomescu A., Tilgner H., Hajirasouliha I. CLOUDRNASPADES: isoform assembly using bulk barcoded RNA sequencing data//Bioinformatics, 2024, Vol. 40, No. 2, pp. btad781 2. Meleshko D.A., Korobeynikov A. Benchmarking state-of-the-art approaches for norovirus genome assembly in metagenome sample//Biology, 2023, Vol. 12, No. 8, pp. 1066 3. Mak L., Meleshko D., Danko D., Barakzai W., Maharjan S., Belchikov N., Hajirasouliha I. Ariadne: synthetic long read deconvolution using assembly graphs//Genome Biology, 2023, Vol. 24, No. 1, pp. 197 4. Meleshko D., Hajirasouliha I., Korobeynikov A. coronaSPAdes: from biosynthetic gene clusters to RNA viral assemblies//Bioinformatics, 2022, Vol. 38, No. 1, pp. 1-8 5. Edgar R.C., Taylor B., Lin V., Altman T., Barbera P., Meleshko D., Lohr D., Novakovsky G., Buchfink B., Al-Shayeb B., Banfield J., De La Pena M., Korobeynikov A., Chikhi

	R., Babaian A. Petabase-scale sequence alignment catalyses viral discovery//Nature, 2022, Vol. 602, No. 7895, pp. 142-147
Наиболее значимые результаты интеллектуальной деятельности	<ul style="list-style-type: none"> ✓ 2023687688 (18.12.2023) «Программа для сборки генных кластеров из коротких прочтений» (biosyntheticSPAdes) ✓ 2023687488 (14.12.2023) «Программа для сборки транскриптома из баркодированных прочтений» (cloudrnaSPAdes) ✓ 2023687489 (14.12.2023) «Программа для автоматизированной сборки генома коронавирусов с использованием HMM» (coronaSPAdes) ✓ 2023687490 (14.12.2023) «Программа для деконволюции штаммов Sars-Cov-2 с использованием графов сборки» (wastewaterSPAdes)
Требования, предъявляемые к аспиранту	<ul style="list-style-type: none"> ✓ Базовые знания биологии и генетики ✓ Умение программировать на одном из популярных языков программирования (предпочтительно C++/Python) ✓ Алгоритмическое мышление
Наименование научных специальностей для зачисления аспиранта	1.5.7 Генетика