

Университет	Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого
Уровень владения английским языком	Proficient (C2)
Направление подготовки и профиль образовательной программы, на которую будет приниматься аспирант	<u>БИОЛОГИЯ И БИОТЕХНОЛОГИИ</u> <u>1.5.2 Биофизика</u> <u>ФИЗИКО-ТЕХНИЧЕСКИЕ НАУКИ</u> <u>1.5.2 Биофизика</u>
Перечень исследовательских проектов потенциального научного руководителя (участие/руководство)	<ul style="list-style-type: none"> • Инференция адаптивного ландшафта популяции организмов из данных ДНК • Моделирование эволюции новых проблемных штаммов САРС КоV 2 • Моделирование эволюции иммунных областей вируса и роль вакцинации в эволюции
Перечень предлагаемых соискателям тем для исследовательской работы	<ul style="list-style-type: none"> • Инференция адаптивного ландшафта популяции организмов из данных ДНК • Моделирование эволюции новых проблемных штаммов САРС КоV 2 • Моделирование эволюции иммунных областей вируса и роль вакцинации в эволюции
	<p>1.07. Прочие естественные и точные науки</p> <p>Научные интересы</p> <p>Некоторые патогены быстро эволюционируют и так вырабатывают сопротивление лекарствам и иммунной системе хозяина. Высокое генетическое разнообразие патогенов осложняет изучение их эволюции. Эволюционные факторы включают в себя естественный отбор, случайный генетический дрейф, рекомбинацию. Кроме того, геном популяции имеет большое количество связанных локусов. Эволюционные динамика на разных локусах не является независимой из-за эффектов эпистаза, т.е., биохимического взаимодействия между белками и их доменами, а также их филогенетической связки (общих предков). Наши исследования сосредоточены на разработке математических и вычислительных методов для предсказания эволюции патогенов с сильными эффектами связки, эпистазом, и рекомбинацией, и для оценок эволюционных параметров из образцов ДНК.</p> <p>В последнее десятилетие произошел значительный прогресс в высокоточном дешевом секвенировании. Были разработаны новые математические методы эволюционного моделирования. На основе собственных предыдущих математических и программных разработок, Игорь и его коллеги будут моделировать эволюцию вирусов ВИЧ, гриппа, полиомиелита, и SARS CoV-2. Проект важен с медицинской точки зрения, так как будет стимулирования исследований новых классов лекарств для контроля скорости вирусной адаптации. Новое программное обеспечение поможет созданию персонализированной терапии и вакцин против патогенов сопротивляющихся за счет своей быстрой эволюции.</p>
Научный руководитель: Рузин Игорь Мартынович к.ф.м.н., доцент	
Место получения степени: Физико-Технический Институт имени А.Ф. Иоффе	

	<p>Требования потенциального научного руководителя Знание матанализа, линейной алгебры, письменный английский В2, программирование на языках Матлаб или Питон</p> <p>Основные публикации потенциального научного руководителя</p> <ul style="list-style-type: none"> • Rouzine IM* and Rozhnova G* (2023) Evolutionary implications of SARS-CoV-2 vaccination for the future design of vaccine strategies, Communications Medicine, accepted for publication. • Likhachev IV and Rouzine IM* (2023) Measurement of selection coefficients from genomic samples of adapting populations by computer modeling, STAR Protocols 4, 101821. • Rouzine, IM. (2022) A role for CD4 helper cells in HIV control and progression. AIDS 36:1501–1510. IF 4.2 • Shirogane Y, Rousseau E, Voznica J, Xiao Y, Su W, Catching A, Whitfield ZJ, Rouzine IM, Bianco* S, Andino* R. (2021) Experimental and mathematical insights on the interactions between poliovirus and a defective interfering genome. PLoS Pathogens 17, e1009277 IF 6.2 • Pedruzzi G, Rouzine* IM (2021) An evolution-based high-fidelity method of epistasis measurement: theory and application to influenza. PLoS Pathogens 17, e1009669. IF 6.2 • Barlukova A, Rouzine* IM (2021) The evolutionary origin of the universal distribution of mutation fitness effect. PLoS Comp. Bio. 17, e1008822. IF 4.5 • Rouzine IM (2020) An evolutionary model of progression to AIDS. Microorganisms 8, 1714 IF 4.2 • Pedruzzi G, Rouzine IM * (2019) Epistasis detectably alters correlations between genomic sites in a narrow parameter window. PLoS ONE 14, e0214036. • Pedruzzi G, Barlukova A, Rouzine* IM (2018) Evolutionary footprint of epistasis. PLoS Computational Biology 14, e1006426. IF 4.5 • Rouzine* IM, Rozhnova G (2018) Antigenic evolution of viruses in host populations. PLoS Pathogens 14, e1007291. IF 6.5
	<p>Результаты интеллектуальной деятельности</p> <ul style="list-style-type: none"> • Книги: • Rouzine IM. (2023) "Mathematical Models of Evolution. Volume 2: Fitness Landscape, Red Queen, Evolutionary Enigmas, and Applications to Virology", in series Mathematics and life sciences, De Gruyter, Berlin/Boston. • Rouzine IM. (2020) "Mathematical Models of Evolution. Volume 1: One-locus and multi-locus theory and recombination", in series Mathematics and life

	<p>sciences, De Gruyter, Berlin/Boston.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Важные статьи: • Rouzine* IM, Wakeley J, Coffin JM (2003) The solitary wave of asexual evolution. <i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> 100: 587-592 • The first accurate mathematical analysis predicting the evolution rate of a population with a large number of linked loci in the absence of recombination. • Rouzine IM, Weinberger, AD, and Weinberger*, LS (2015) An evolutionary role for HIV latency in enhancing viral transmission. <i>Cell</i> 160, 1002–12 • An evolutionary role for HIV latency as a Trojan horse effect during transmission. • Rouzine* IM, Coffin JM (2001) Transition between stochastic evolution and deterministic evolution in the presence of selection: general theory and application to virology [review]. <i>Microbiol Mol Biol Rev</i> 65: 151-185 • The classical stochastic theory of one-locus evolution 1930-1970 reviewed and adapted to virology. • IM Rouzine (2020) An evolutionary model of progression to AIDS. <i>Microorganisms</i> 8, 1714 https://doi.org/10.3390/microorganisms8111714 • The first closed model of progression to AIDS based on gradual adaptation of HIV to a host. • Rouzine* IM and Rozhnova G (2018) Antigenic evolution of viruses in host populations. <i>PLoS Pathogens</i> 14, e1007291 • A model of genetic evolution of a virus in a host population accumulating the immune memory connects epidemiology to immunology and the modern evolution theory. The predicted parameters are tested against data for influenza A. • Batorsky R, Kearney MF, Palmer SE, Maldarelli F, Rouzine* IM, Coffin JM (2011) Estimate of effective recombination rate and average selection coefficient for HIV in chronic infection. <i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> 108: 5661 • Rouzine* IM, Coffin JM (1999) Linkage disequilibrium test implies a large effective population number for HIV <i>in vivo</i>. <i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> 96: 10758-10763 • The effective population size and the effective recombination rate of HIV are estimated correctly for
--	---

	<p>the first time.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Rouzine* IM, Coffin JM (2005) Evolution of HIV under selection and weak recombination. <i>Genetics</i> 170: 7-18 • Rouzine*, IM, and Coffin, JM (2010) Many-site adaptation in the presence of infrequent recombination. <i>Theor Pop Bio</i> 77: 189-204 • Recombination is incorporated in the multi-locus evolution theory. • Rouzine* IM, Coffin JM (1999) Search for the mechanism of evolution in the pro gene of HIV in vivo. <i>J Virol</i> 73: 8167-8178. • The high diversity of HIV within and between infected individuals is explained as a result of compensatory mutations for the early escape mutations in CD8 T cell epitopes.
--	---