

مهدی صادقی متولد ۱۳۴۲ شماره شناسنامه ۱۶۵ صادره از گرمسار متاهل
وضعیت شغلی: عضو هیئت علمی پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری (دانشیار)
تلفن: ۴۴۷۸۷۳۷۳
email: sadeghi@nigeb.ac.ir

تحصیلات:

- دکتری تخصصی (PhD): بیوفیزیک، مرکز تحقیقات بیوشیمی و بیوفیزیک دانشگاه تهران ۱۳۸۰
کارشناسی ارشد: بیوفیزیک، مرکز تحقیقات بیوشیمی و بیوفیزیک دانشگاه تهران ۱۳۷۲
کارشناسی: علوم سلولی و ملکولی، دانشکده علوم دانشگاه تهران ۱۳۶۹

مقالات و تالیفات:

1. Maryam Shahdoust ; Hossein Mahjub ; Hamid Pezeshk ; **Mehdi Sadeghi** (2019) A Network-based Comparison between Molecular Apocrine Breast Cancer Tumor and Basal and Luminal Tumors by Joint Graphical Lasso, IEEE/ACM Trans Comput Biol Bioinform. 2019 Apr 15. doi: 10.1109/TCBB.2019.2911074
2. Najmeh Salehi, Bahareh Attaran, Negin Eskini, Maryam Esmaili, Atefeh Sharifirad, **Mehdi Sadeghi**, Marjan Mohammadi (2019) New insights into resistance of Helicobacter pylori against third and fourth-generation fluoroquinolones: A molecular docking study of prevalent GyrA mutations, Helicobacter. 2019, DOI: 10.1111/hel.12628
3. Mostafa Taheri, Kazem Nouri, Yazdan Asgari, Zahra Zabihinpour, **Mehdi Sadeghi** (2019) The Significance of Noise in the Evolution of Negative and Positive Cooperativity in Protein Complexes, MATCH Commun. Math. Comput. Chem. 81 , 177-192
4. Farzaneh Salari, Fatemeh Zare-Mirakabad, **Mehdi Sadeghi** and Hassan Rokni-Zadeh (2018) Assessing the impact of exact reads on reducing the error rate of read mapping, BMC Bioinformatics (2018) 19:406
5. Amir Reza Alizad-Rahvar, **Mehdi Sadeghi** (2018) Ambiguity in logic-based models of gene regulatory networks: An integrative multiperturbation analysis, PLoS ONE 13(11): e0206976.
6. Seyed Amir Malekpour¹, Hamid Pezeshk^{1,2,4} & **Mehdi Sadeghi** (2018) MSeq-CNV: accurate detection of Copy Number Variation from Sequencing of Multiple samples, SCIENTIFIC REPORTS , 8:4009 | DOI:10.1038/s41598-018-22323-8
7. Atiyeh Fotoohinasab a, Emad Fatemizadeh b, Hamid Pezeshk c,d, **Mehdi Sadeghi**, (2018) Denoising of genetic switches based on Parrondo's paradox, Physica A, 493, 410–420
8. Sayed-Hamidreza Mozhgani et al (2018) Molecular evolution and phylodynamics of hepatitis B virus infection circulating in Iran, Archives of Virology , doi.org/10.1007/s00705-018-3764-3

9. Seyed Amir Malekpour, Parsa Pakzad, Mohammad-Hadi Foroughmand-Araabi, Sama Goliaei, Ruzbeh Tusserkani, Bahram Goliaei and **Mehdi Sadeghi** (2018) Modeling the probability distribution of the bacterial burst size via a game-theoretic approach, *Journal of Bioinformatics and Computational Biology* VOL. 16, NO. 04. doi: 10.1142/S0219720018500129
10. **M. Sadeghi**, H. Pezeshk, R. Tusserkani, A. Sharifi Zarchi, A. Malekpour, M. Foroughmand, S. Goliaei, M. Totonchi, N. Ansari–Pour, (2017) The Role and Importance of Genome Sequencing in Prediction of Cancer Risk, *International Journal of Biotechnology and Bioengineering*, Vol:11, No:8, 460-465
11. J. Salimi Sartakhti, M. H. Manshaei ,S. Bateni, **M. Sadeghi**, (2017) Evolutionary Emergence of Angiogenesis in Avascular Tumors using a Spatial Public Goods Game, *PLoS ONE*, Volume 12, Issue 4,.
12. Nasim Ejlali, Mohammad Reza Faghihi and **Mehdi Sadeghi** (2017) Bayesian comparison of protein structures using partial Procrustes distance, *Stat. Appl. Genet. Mol. Biol.* 2017; 16(4): 243–257
13. Fazeleh S. Mohseni-Salehi, Fatemeh Zare-Mirakabad, Soudeh Ghafouri-Fard, **Mehdi Sadeghi** (2017) The effect of stochasticity on repair of DNA double strand breaks throughout non-homologous end joining pathway, *Mathematical Medicine and Biology* (2017) 00, 1–23
14. Maryam Shahdoust, Hamid Pezeshk, Hossein Mahjub, **Mehdi Sadeghi** (2017) F-MAP: A Bayesian approach to infer the gene regulatory network using external hints, *PLoS ONE* 12(9): e0184795.
15. Ali Sharifi-Zarchi, Daniela Gerovska, Kenjiro Adachi, Mehdi Totonchi, Hamid Pezeshk, Ryan J. Taft, Hans R. Schöler, Hamidreza Chitsaz, **Mehdi Sadeghi**, Hossein Baharvand and Marcos J. Araúzo-Bravo (2017) DNA methylation regulates discrimination of enhancers from promoters through a H3K4me1-H3K4me3 seesaw mechanism, *BMC Genomics* (2017) 18:964, DOI 10.1186/s12864-017-4353-7
16. Bahareh Khazaei, Javad Salimi Sartakhti, Mohammad Hossein Manshaei, Quanyan Zhu, **Mehdi Sadeghi**, Seyed Rasoul Mousavi (2017) HIV-1-infected T-cells dynamics and prognosis: An evolutionary game model, *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, Volume 152, 1-14
17. Dorri F, Pezeshk , **Sadeghi M** (2017) Stochastic Cell Fate and Longevity of Offspring, *Cell J.*;19(3):343-351
18. zahra zamanzadeh; Mitra Ataei; Seyed Massood Nabavi; Ghasem Ahangaria; **Mehdi Sadeghi**; Mohammad Hosein Sanati, (2017) In Silico Perspectives on the Prediction of the PLP’s Epitopes involved in Multiple Sclerosis, *Iranian J. Biotechnology*, 15, 10-12
19. Fereshteh Chitsazian, **Mehdi Sadeghi** and Elahe Elahi (2017) Confident gene activity prediction based on single histone modification H2BK5ac in human cell lines, *BMC Bioinformatics*
20. Javad Salimi Sartakhtia, Mohammad Hossein Manshaeia, **Mehdi Sadeghi** (2017) MMP–TIMP interactions in cancer invasion: An evolutionary game-theoretical framework, *Journal of Theoretical Biology*, Volume 412, 17–26

21. Seyed Amir Malekpour, Hamid Pezeshk and **Mehdi Sadeghi** (2017) PSE-HMM: genome-wide CNV detection from NGS data using an HMM with Position-Specific Emission probabilities, *BMC Bioinformatics*
22. Samiie Pouragahi ; Mohammad Hossein Sanati ; **Mehdi Sadeghi**; and Marjan Nassiri-Asl (2016) *Bioinformatics Approach for Pattern of Myelin-Specific Proteins and Related Human Disorders*, *Biotechnology and Health Sciences*. 3(4)
23. Zahra Zamanzadeh, Ghasem Ahangari, Mitra Ataei, Samie Pouragahi, Seyed Massood Nabavi, **Mehdi Sadeghi**, Mohammad Hossein Sanati (2016) Association of New Putative Epitopes of Myelin Proteolipid Protein (58-74) with Pathogenesis of Multiple Sclerosis, *Iranian Journal of Allergy, Asthma and Immunology*, 15(5):394-402
24. Katayoun Samimi-Rad1, Ramin Rahimnia, **Mahdi Sadeghi**, Seyed Amir Malekpour, Mona Marzban, Maryam Keshvari, Seyed Jalal Kiani, Seyed-Moayed Alavian (2016) Epidemic History of Hepatitis C Virus among Patients with Inherited Bleeding Disorders in Iran, *PLOS ONE*, 11(9)
25. Seyed Amir Malekpour , Hamid Pezeshk , **Mehdi Sadeghi** (2016) MGP-HMM: Detecting genome-wide CNVs using an HMM for modeling mate pair insertion sizes and read counts, *Mathematical Biosciences*, 279 (2016) 53–62
26. Rahim Jafari, **Mehdi Sadeghi**, Mehdi Mirzaie (2016) Investigating the importance of Delaunay-based definition of atomic interactions in scoring of protein–protein docking results, *Journal of Molecular Graphics and Modelling*, 66, 108–114
27. Ali Sharifi-Zarchi, Mehdi Totonchi, Keynoush Khaloughi, Razieh Karamzadeh, Marcos J. Araúzo-Bravo, Hossein Baharvand, Ruzbeh Tusserkani, Hamid Pezeshk, Hamidreza Chitsaz and **Mehdi Sadeghi** (2015) Increased robustness of early embryogenesis through collective decision-making by key transcription factors, *BMC Systems Biology*, 9:23
28. Vajiheh Eskandari, Bagher Yakhchali, **Mehdi Sadeghi**, Ali Asghar Karkhane, Houra Ahmadi-Danesh1(2015) Efficient Cadmium Bioaccumulation by Displayed Hybrid CS3 Pili: Effect of Heavy Metal Binding Motif Insertion Site on Adsorption Capacity and Selectivity, *Appl Biochem Biotechnol*, 177(8):1729-41
29. Mohieddin Jafari, Mehdi Mirzaie and **Mehdi Sadeghi** (2015) Interlog protein network: an evolutionary benchmark of protein interaction networks for the evaluation of clustering algorithms, *BMC Bioinformatics* , 16:319
30. Pegah Khosravi, Vahid H Gazestani, Leila Pirhaji, Brian Law, **Mehdi Sadeghi**, Bahram Goliaei and Gary D Bader (2015) Inferring interaction type in gene regulatory networks using co-expression data , *Algorithms Mol Biol* , 10:23
31. Mohammad-Hadi Foroughmand-Araabi, Bahram Goliaei, Kasra Alishahi, **Mehdi Sadeghi**, Sama Goliaei (2015) Codon usage and protein sequence pattern dependency in different organisms: a Bioinformatics approach, *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, Vol. 13, No. 2
32. Maryam PourkamaliAnaraki and **Mehdi Sadeghi** (2015) Honey bee-inspired algorithms for SNP haplotype reconstruction problem, *Journal of Experimental & Theoretical Artificial Intelligence*, May 12, 2015

33. Pegah Khosravi, Vahid H. Gazestani , Mohammad Akbarzadeh , Samira Mirkhalaf , **Mehdi Sadeghi**, Bahram Goliaei (2015) Comparative Analysis of Prostate Cancer Gene Regulatory Networks via Hub Type Variation, *Avicenna J Med Biotech*; 7(1): 8-15
34. M Norouzi, F Ramezani, A Khedive,....., **M Sadeghi**,....., (2014) Hepatitis B Virus Genotype D is the Only Genotype Circulating in Iranian Chronic Carriers, the Unique Pattern of Genotypic Homogeneity, *Journal of Gastroenterology and Hepatology Research*, 213(9): 1238-1243
35. Pegah Khosravi, Javad Zahiri, Vahid H. Gazestani, Samira Mirkhalaf, Mohammad Akbarzadeh, **Mehdi Sadeghi**, Bahram Goliaei (2014) Analysis of Candidate Genes Has ... of Y Chromosome in Human Prostate Cancer, *Iranian Journal of Cancer Prevention*, 7(4), 204-211
36. Maryam Pourkamali Anaraki, **Mehdi Sadeghi** (2014) Efficient fast heuristic algorithms for minimum error correction haplotyping from SNP fragments, *Int. J. Computational Biology and Drug Design*, 7(4)358-368
37. Milad Gholami, Aryan Arbabi, Ali Sharifi-Zarchi, Hamidreza Chitsaz, **Mehdi Sadeghi** (2014) ARYANA: Aligning Reads by Yet Another Approach, *BMC Bioinformatics*, 15(Suppl 9):S12
38. Mahdi Heidari , Sayed-Amir Marashi, Ruzbeh Tusserkani, **Mehdi Sadeghi**, (2014) Reconstruction of phylogenetic trees of prokaryotes using maximal common intervals, *Biosystems*, 124, 86–94
39. Pegah Khosravi, Vahid H. Gazestani, Yazdan Asgari, Brian Law, **Mehdi Sadeghi**, Bahram Goliaei (2014) Network-based approach reveals Y chromosome influences prostate cancer susceptibility, *Computers in Biology and Medicine*, 54, 24–31
40. Faezeh Dorri, Hamid Mahini, Ali Sharifi-Zarchi, Mehdi Totonchi, Ruzbeh Tusserkani, Hamid Pezeshk, **Mehdi Sadeghi** (2014) Natural Biased Coin Encoded in the Genome Determines Cell Strategy, *Plos One*, Volume 9 , Issue 8, e103569
41. Alireza Vazifedoost, Maseud Rahgozar, Behzad Moshiri, **Mehdi Sadeghi**, Chua Hon Nian, See Kiong Ng, and Limsoon Wong (2014) Using data fusion for scoring reliability of protein–protein interactions, *Journal of Bioinformatics and Computational Biology* Vol. 12, No. 4,
42. Maryam Pourkamali Anaraki, **Mehdi Sadeghi** (2014) Efficient fast heuristicalgorithms for minimum errorcorrection haplotyping from SNP fragments, *Int. J. Computational Biology and Drug Design*, In press
43. Zeinalzadeh N, Ahangari G, **Sadeghi M**, Amani J, Bathaie SZ, Jafari M (2014) Design and characterization a chimeric multi-epitope construct containing CfaB, ST toxoid, CssA, CssB and LTb of Enterotoxigenic E. coli: bioinformatics approach, *Biotechnol Appl Biochem*. 2013 Dec 24. doi: 10.1002/bab.1196.
44. Samaneh Saadat , Zhaleh Safikhani , Kambiz Badie , **Mehdi Sadeghi** (2014) Clustering of Short Read Sequences for *de novo* Transcriptome Assembly *Progress in Biological Sciences*, Vol. 4, Number 1, 43-52
45. E. S. Ansari. , H. Pezeshk. , **M. Sadeghi**. and C. Eslahchi. (2014) ProDomAs; Protein Domain Assignment Algorithm using Centre-Based Clustering and

- Independent Dominating Set, *Proteins: Structure, Function and Bioinformatics*, 82, 1937–1946
46. Mahdi Pakdaman Naeini, Behzad Moshiri, Babak Nadjar Araabi, **Mehdi Sadeghi** (2014) Learning by abstraction: Hierarchical classification model using evidential theoretic approach and Bayesian ensemble model, *Neurocomputing*, 130, 73–82
 47. Mohammad-Hadi Foroughmand-Araabi, Bahram Goliaei, Kasra Alishahi **and Mehdi Sadeghi** (2014) Dependency of codon usage on protein sequence patterns: a statistical study, *Theoretical Biology and Medical Modelling* 2014, **11**:2
 48. Ghasem Mahdevar, AbbasNowzari-Dalini, **Mehdi Sadeghi** (2013) Inferring gene correlation networks from transcription factor binding sites, *Genes Genet. Syst.*, 88, 301–309
 49. Haghghi Mohamad Ali; Mobarez Ashraf Mohabati; Salmanian Ali Hatf; Moazeni, Mohamad; Zali Mohamad Reza; **Sadeghi Mehdi**; Amani Jafar (2013) In silico experiment with an antigen-toll-like receptor-5 agonist fusion construct for immunogenic application to *Helicobacter pylori*, *Indian J Hum Genet.* 19(1):43-53
 50. Zhaleh Safikhani , **Mehdi Sadeghi** , Hamid Pezeshk , Changiz Eslahchi (2013) SSP: An interval integer linear programming for de novo transcriptome assembly and isoform discovery of RNA-seq reads, *Genomics* 102, 507–514
 51. Mohieddin Jafari, **Mehdi Sadeghi**, Mehdi Mirzaie, Sayed-Amir Marashi, Mostafa Rezaei-Tavirani (2013) Evolutionarily conserved motifs and modules in mitochondrial protein-protein interaction networks, *Mitochondrion*, 13, 668–675
 52. Mehdi Mirzaie, **Mehdi Sadeghi** (2013) Delaunay-based non-local interactions are sufficient and accurate in protein fold recognition, *Proteins: Structure, Function and Bioinformatics*, 82, 415–423
 53. Seyedeh-Nafiseh Hassani & Mehdi Totonchi & Ali Sharifi-Zarchi Sepideh Mollamohammadi & Mohammad Pakzad & Sharif Moradi & Azam Samadian & Najmehsadat Masoudi & Shahab Mirshahvaladi & Ali Farrokhi & Boris Greber & Marcos J. Araúzo-Bravo & Davood Sabour & **Mehdi Sadeghi** & Ghasem Hosseini Salekdeh & Hamid Gourabi & Hans R. Schöler & Hossein Baharvand (2013) Inhibition of TGF β Signaling Promotes Ground State Pluripotency, *Stem Cell Rev and Rep* 10, 16-30
 54. Mohammad-Hadi Foroughmand-Araabi, Bahram Goliaei, **Mehdi Sadeghi** (2013) iProsite: an improved prosite database achieved by replacing ambiguous positions with more informative representations, *Progress in Biological Sciences*, 3(1), 67-81
 55. Vahed M, Motalebi E, Rigi G, Akbari Noghabi K, Soudi MR, **Sadeghi M**, Ahmadian G. (2013) Improving chitinolytic activity of *Bacillus pumilus* SG2 by random mutagenesis. *J Microbiol Biotechnol.* 23, 1519-28
 56. Eskandari V, Yakhchali B, **Sadeghi M**, Karkhane AA. (2013) In silico design and construction of metal binding hybrid proteins for specific removal of cadmium based on CS3 pili display on the surface of *Escherichia coli*. *Biotechnol Appl Biochem.* Jun 7. doi: 10.1002/bab.1132. [Epub ahead of print]
 57. Mohieddin Jafari , Mehdi Mirzaie, **Mehdi Sadeghi** , Sayed-Amir Marashi , Mostafa Rezaei-Tavirani (2013) Exploring biological processes involved in embryonic stem cell differentiation by analyzing proteomic data, *Biochimica et Biophysica Acta*, 1834 , 1063–1069

58. V. Rezaei, H. Pezeshk, **M. Sadeghi** and C. Eslahchi (2013) *Assignment of protein sequences to protein family profiles using spatial statistics*, MATCH Communications in Mathematical and Computer Chemistry, 69(1), 7-24
59. Mitra Mirzarezaei, **Mehdi Sadeghi**, Babak N. Araabi (2012) Construction and analysis of tissue-specific protein-protein interaction network in humans, Progress in Biological Sciences, 2(2), 1-13
60. Vahid Rezaei, Sima Naghizadeh, Hamid Pzeshk, **Mehdi Sadeghi**, Changiz Eslahchi (2012) Comparison of the bidirectional Baum-Welch algorithm and the Baum-Welch algorithm on regular lattice, Progress in Biological Sciences, 2(2), 14-22
61. Ensieh Salehghamari, Javad Hamedi, Elahe Elahi, Zargham Sepehrizadeh, **Mehdi Sadeghi**, Guenther Muth (2012) Prediction of the *pho* regulon in *Streptomyces clavuligerus* DSM 738, New Microbiologica, 35, 447-457
62. Rosa Aghdam, Hamid Pezeshk, Seyed Amir Malekpour, Soudabeh Shemehsavar, **Mehdi Sadeghi** and Changiz Eslahchi (2012) *A Clustering Approach for Estimating Parameters of a Profile Hidden Markov Model*, To appear in International Journal of Data Mining and Bioinformatics
63. Ghasem Mahdevar , **Mehdi Sadeghi** , Abbas Nowzari-Dalini (2012) Transcription factor binding sites detection by using alignment-based approach, Journal of Theoretical Biology 304, 96–102
64. Changiz Eslahchi , Reza Hassanzadeha, Ehsan Mottaghib, Mahnaz Habibi, Hamid Pezeshk , **Mehdi Sadeghi** (2012) *Constructing circular phylogenetic networks from weighted quartets using simulated annealing*, Mathematical Biosciences, 235, 123–127
65. Kaveh Kavousi, **Mehdi Sadeghi**, Behzad Moshiri , Babak N. Araabi , Ali Akbar Moosavi-Movahedi (2012) Evidence theoretic protein fold classification based on the concept of hyperfold, Mathematical Biosciences, 240, 148-60
66. Mehdi Mirzaei, **Mehdi Sadeghi** (2012) Distance-dependent atomic knowledge-based force in protein fold recognition, Proteins, 80, 683-690
67. M. Habibi, C. Eslahchi, H. Pezeshk, M. **Sadeghi**. (2011) An Information Theoretic Approach to Secondary Structure Assignment, MATCH Communications in Mathematical and Computer Chemistry, 65 (1): 5–20.
68. Mitra Mirzarezaee, Mehdi Sadeghi, and Babak N. Araabi (2011) Dynamical Analysis of Yeast Protein Interaction Network During the Sake Brewing Process, The Journal of Microbiology., 49, pp. 965-973
69. Pooya Zakeri , Behzad Moshiri, **Mehdi Sadeghi** , (2011) Prediction of protein submitochondria locations based on data fusion of various features of sequences , Journal of Theoretical Biology, 269, 208-216
70. Kaveh Kavousi, Behzad Moshiri, **Mehdi Sadeghi**, Babak N. Araabi, Ali Akbar Moosavi-Movahedi, (2011) A protein fold classifier formed by fusing different modes of pseudo amino acid composition via PSSM, Computational Biology and Chemistry 35, 1-9
71. Rosa Aghdam, Hamid Pezeshk, Seyed Amir Malekpour, Soudabeh Shemehsavar, **Mehdi Sadeghi** and Changiz Eslahchi (2010) A Bidirectional Bayesian Monte Carlo Approach for Estimating Parameters of a Profile Hidden Markov Model, Applied Science Segment: 1(2) APS/1531

72. Mitra Mirzarezaee, Babak N. Araabi., **Mehdi Sadeghi** (2010) Comparison of Hubs in Effective Normal and Tumor Protein Interaction Networks, *Basic And Clinical Neuroscience*, 2 (1) :44-50
73. Mirzaei, Mehdi and **Sadeghi, Mehdi** (2010) Knowledge-based potentials in protein fold recognition, *Journal of Paramedical Sciences*, Vol.1, No.4, 65-75
74. Mitra Mirzarezaee, Babak N Araabi, **Mehdi Sadeghi**, (2010) Features analysis for identification of date and party hubs in protein interaction network of *Saccharomyces Cerevisiae*, *BMC Systems Biology* 2010, **4**:172
75. Changiz Eslahchi, Hamid Pezeshk, **Mehdi Sadeghi**, Philippe Giabbanelli, Fateme Movahedi, Vahid Dabbaghian, (2010) A probabilistic model for the spread of HIV infection among injection drug Users, *World Journal of Modelling and Simulation*, 6, 267-273
76. Seyedhadi Ghasemi, Gholamreza Ahmadian, **Mehdi Sadeghi**, Daniel R.Zeigler, Heshmatollah Rahimian, Soheila Ghandili, Neda Naghibzadeh, Ali Dehestani (2010) First report of a bifunctional chitinase/lysozyme produced by *Bacillus pumilus* SG2, *Enzyme and Microbial Technology*, 48, 225–231
77. Alireza Meshkin, Nasser Ghasem Aghaee , **Mehdi Sadeghi** (2010) Modeling and implementing an agent-based system for prediction of protein 3 relative solvent accessibility, *Expert Systems with Applications* 38, 6324–6332
78. **Mehdi Sadeghi**, Hamid Pezeshk, Changiz eslahchi,, Sara Ahmadian, Sepideh Mah Abadi, (2010) Construction of random perfect phylogeny matrix, *Advances and Applications in Bioinformatics and Chemistry*, 3 89–96
79. Mahnaz Habibi, changiz eslahchi, **Mehdi sadeghi**, Hamid Pezashk (2010) The interpretation of protein structures based on graph theory and contact map, *Open Access Bioinformatics*, 2 127–137
80. J. Zahiri, G.Mahdevar, A.Nowzari-dalini, H.Ahrabian, **M.Sadeghi** (2010) A novel efficient dynamic programming algorithm for haplotype block partitioning, *Journal of Theoretical Biology*, 267, 164-170
81. Ghasem Mahdevar, Javad Zahiri, **Mehdi Sadeghi**, Abbas Nowzari-Dalini, Hayedeh Ahrabian (2010) Tag SNP selection via a genetic algorithm, *Journal of Biomedical Informatics*, 43, 800-804
82. Gholam Ali Kardar, Alireza Zomorodipour, Mostafa Moin, Zahra Pourpak, **Mehdi Sadeghi**, Fariba Ataei (2010) The effects of novel mutations in A1 domain of human coagulation factor VIII on its secretion level in cultured mammalian cells, *Iranian Journal of Biotechnology*, 8, 139-149
83. Shahriar Arab, **Mehdi Sadeghi**, Changiz Eslahchi, Hamid Pezeshk, Armita Sheari (2010) A pairwise residue contact area-based mean force potential for discrimination of native protein structure, *BMC Bioinformatics* , 11:16
84. Ali Katanforoush, **Mehdi Sadeghi**, Hamid Pezeshk and Elahe Elahi (2009) Global haplotype partitioning for maximal associated SNP pairs, *BMC Bioinformatics* , 10:269
85. Seyed Amir Malekpour , Sima Naghizadeh , Hamid Pezeshk , Mehdi Sadeghi, Changiz Eslahchi (2009) A Segmental Semi Markov Model for protein secondary structure prediction, *Mathematical Biosciences* 221, 130–135

86. Alireza Meshkin1, , Mehdi Sadeghi, Nasser Ghasem-Aghaee (2009) Prediction of Relative Solvent Accessibility using Pace Regression, *EXCLI Journal*; 8: 211-217
87. Fatemeh Zare-Mirakabad, Hayedeh Ahrabian, **Mehdei Sadeghi**, Abbas Nowzari-Dalini, Bahram Goliaei, (2009) New scoring schema for finding motifs in DNA Sequences, *BMC Bioinformatics* , 10:93
88. Mehdi Mirzaie, Changiz Eslahchi, Hamid Pezeshk, and **Mehdi Sadeghi** (2009) A distance-dependent atomic knowledge based potential and force for discrimination of native structures from decoys, *Proteins*, Volume 77: 454-463
89. Changiz Eslahchi, Hamid Pezeshk, **Mehdi Sadeghi**, and Alireza Sheikh attar (2009) *LIBRA*: A de Novo Motif Finding in Promoter Sequences Based on Linear Algebra, *Proceedings of World Academy of Science, Engineering and Technology*, Volume 37, 506-512
90. F. Zare-Mirakabad, **M. Sadeghi**, H. Ahrabiana, and A. Nowzari-Dalini (2009) RNAComp: A new method for RNA secondary structure alignment, *MATCH Communications in Mathematical and in Computer Chemistry*, 61(3),789-816
91. H. Mirzaei, S. Ahmadian, S. Mahabadi, **M. Sadeghi**, C. Eslahchi, H. Pezeshk (2009) An Algorithm for Construction of All Perfect Phylogeny Matrices, *MATCH Communications in Mathematical and in Computer Chemistry*, 62 (2) 251-259
92. M. Kargar, H. Poormohammadi, L. Pirhaji, **M. Sadeghi**, H. Pezeshk, C. Eslahchi: Enhanced Evolutionary and Heuristic Algorithms for Haplotype Reconstruction Problem Using Minimum Error Correction Model, *MATCH Communications in Mathematical and in Computer Chemistry*, 62 (2) 261-274
93. F. Zare-Mirakabad, P. Davoodi, H. Ahrabian , A. Nowzari-Dalini, **M. Sadeghi**, B. Goliaei (2009) Finding Motifs Based on Suffix Trie, *Advanced Modeling and Optimization*, 11(2), 177-194
94. Fatemeh Zare-Mirakabad, Hayedeh Ahrabian, **Mehdi Sadeghi**, Somaieh Hashemifar, Abbas Nowzari-Dalini, Bahram Goliaei (2009) Genetic algorithm for dyad pattern finding in DNA sequences, *Genes Genet. Syst.* **84**, 81-93
95. Changiz Eslahchi, Hamid Pezeshk, **Mehdi Sadeghi**, Amir Massoud Rahimi, Heydar Maboudi Afkham, Shahriar Arab (2009) STON: Anovel method for protein three-dimensional structure comparison, *Computers in Biology and Medicine*, 39,166-172
96. Seyed Amir Malekpour, Sima Naghizadeh, Hamid Pezeshk, **Mehdi Sadeghi** , Changiz Eslahchi (2009) Protein secondary structure prediction using three neural networks and a segmental semi Markov model, *Mathematical Biosciences*, 217 ,145–150
97. Sayed-Rzgar Hosseinia, **Mehdi Sadeghib**, Hamid Pezeshk, Changiz Eslahchi, Mahnaz Habibi (2008) PROSIGN: A method for protein secondary structure assignment based on three-dimensional coordinates of consecutive Ca atoms, *Computational Biology and Chemistry*, 32, 406–411
98. Amir Momen-Roknabadi, **Mehdi Sadeghi**, Hamid Pezeshk and Sayed-Amir Marashi (2008) Impact of residue accessible surface area on the prediction of protein secondary structures, *BMC Bioinformatics*, 9:357
99. Armita Sheari, Mehdi Kargar, Ali Katanforoush, Shahriar Arab, **Mehdi Sadeghi**, Hamid Pezeshk, Changiz Eslahchi and Sayed- Amir Marashi (2008) A tale of two

- symmetrical tails: Structural and functional characteristics of palindromes in proteins, *BMC Bioinformatics.*, 9:274
100. Leila Pirhaji , Mehdi Kargar , Armita Shearic, Hadi Poormohammadi, **Mehdi Sadeghi**, Hamid Pezeshk, Changiz Eslahchi (2008) The performances of the chi-square test and complexity measures for signal recognition in biological sequences, *Journal of Theoretical Biology*, 251, 380-387
 101. Eslahchi C, **Sadeghi M**, Pezeshk H, Kargar M, Poormohammadi H. (2007) Haplotyping Problem, A Clustering Approach. American Institute of Physics Conference Proceedings – September, 936:185-190.
 102. Sayed-Amir Marashi, Mehdi Kargar, Ali Katanforoush, Hassan Abolhassani and **Mehdi Sadeghi** (2007) Evolution of ‘Ligand-Diffusion Chreods’ on Protein-Surface Models: A Genetic Algorithm Study, *Chemistry and Biodiversity*, vol 4, 2766-2771
 103. Shahriar Arab, Farzad Didehvar, Changiz Eslahchi, **Mehdi Sadeghi** (2007) Helix segment assignment in proteins using fuzzy logic , *Iranain Journal of Biotechnology*, Vol. 5, 93-99
 104. Roghayeh Zarei, Shahriar Arab and **Mehdi Sadeghi** (2007) A Method for Protein Accessibility Prediction based on Residue Types and Conformational States, *Computational Biology and Chemistry*, Vol. 31, 384–388
 105. Fereshteh Chitsazian, Betsabeh Khoramian Tusi, Elahe Elahi, ‡ Heidar Amini Saroei, Mohammad H. Sanati, Shahin Yazdani, Mohammad Pakravan, Navid Nilforooshan, _ Yadollah Eslami, Mohammad Ali Zare Mehrjerdi, Reza Zareei, Mahmood Jabbarvand, Ali Abdolahi, Ali R. Lasheyee, Arash Etemadi, Behnaz Bayat, **Mehdi Sadeghi**, Mohammad M. Banoei, Behnam Ghafarzadeh, Mohammad R. Rohani, Akram Rismanchian, Yvonne Thorstenson, and Mansoor Sarfarazi (2007) "CYP1B1 Mutation Profile of Iranian Primary Congenital Glaucoma Patients and Associated Haplotypes". *Journal of Molecular Diagnostics*, Vol. 9, No. 3, 382-392
 106. Khosrow Khalifeh, Bijan Ranjbar, Khosro Khajeh, Hossein Naderi-Manesh, **Mehdi Sadeghi** and Sara Gharavi (2007) "A stopped-flow fluorescence study of the native and modified lysozyme", *Biologia*, volum 62, No.3: 258—264
 107. Narges Kh. Tafreshi, Saman Hosseinkhani, Majid Sadeghizadeh, **Mehdi Sadeghi**, Bijan Ranjbar and Hossein Naderi-Manesh (2007) "The Influence of Insertion of a Critical Residue (Arg356) in Structure and Bioluminescence Spectra of Firefly Luciferase", *The Journal of Biological Chemistry*, Vol. 282, 8641–8647
 108. Z Moosavi-Movahedi, S Safarian, M Zahedi, **M Sadeghi**, AA Saboury, J Chamani, H Bahrami, A Ashraf-Modarres and AA Moosavi-Movahedi (2006) "Calorimetric and Binding Dissections of HAS Upon Interaction with Bilirubin", *The Protein Journal*, 25(3), 193-201
 109. Moosavi-Movahedi AA, Gharanfoli M, Jalili S, Ahmad F, Chamani J, Hakimelahi GH, **Sadeghi M**, Amani M, Saboury AA. (2006) "The correlation of Rnase A enzymatic activity with the changes in the distance between N₈₂-His₁₂ and N₈₁-His₁₁₉ upon addition of stabilizing and destabilizing salts", *The Protein Journal*, 25(2), 117 – 125

110. Marashi SA, Eslahchi C, Pezeshk H, **Sadeghi M.** (2006) "Impact of RNA structure on the prediction of donor and acceptor splice sites" *BMC Bioinformatics*. 13;7(1):297
111. Maryam Monsef Shokri , Khosro Khajeh , Jahan Alikhajeh , Ahmad Asoodeh , Bijan Ranjbar , Saman Hosseinkhani , **Mehdi Sadeghi** (2006) " Comparison of the molten globule states of thermophilic and mesophilic α -amylases ", *Biophysical Chemistry*, Volume 122, Issue 1:58-65
112. Sayed-Amir Marashi , Hani Goodarzi , **Mehdi Sadeghi** , Changiz Eslahchi ,Hamid Pezeshk (2006) "Importance of RNA secondary structure information for yeast donor and acceptor splice site predictions by neural networks" *Computational Biology and Chemistry*, 30: 50-57
113. Leila Hassani , Bijan Ranjbar , Khosro Khajeh , Hossein Naderi-Manesh , Mehdi Naderi-Manesh, **Mehdi Sadeghi** (2006) "Horseradish peroxidase thermostabilization:The combinatorial effects of the surface modification and the polyols" *Enzyme and Microbial Technology*, 38: 118-125
114. Khosro Khajeh, Maryam Monsef Shokri , S. Mohsen Asghari , Fatemeh Moradian, Atiah Ghasemi, **Mehdi Sadeghi**, Bijan Ranjbar, Saman Hosseinkhani, Sara Gharavi, Hossein Naderi-Manesh (2006) "Acidic and proteolytic digestion of α -amylases from *Bacillus licheniformis* and *Bacillus amyloliquefaciens*:Stability and flexibility analysis" *Enzyme and Microbial Technology*, 38: 422-428
115. **Mehdi Sadeghi**, Hossein Naderi-Manesh, mahbobeh Zarrabi and Bijan Ranjbar (2006) "Effective factors in thermostability of thermophilic proteins", *Biophysical Chemistry*, 119: 256-270
116. Ali Akbar Saboury, Malihe Sadat Atri, Mohammad Hossein Sanati and **Mehdi Sadeghi** (2005) "Application of a simple calorimetric data analysis on the binding study of calcium ions by human growth hormone" *Journal of Thermal analysis and calorimetry*, 83:175 - 179
117. Saboury AA, Atri MS, Sanati MH, Moosavi-Movahedi AA, Hakimelahi GH, **Sadeghi M** (2006) "A thermodynamic study on the interaction between magnesium ion and human growth hormone." *Biopolymers*, 81:120-126
118. Saber Zahri, Mohammad Reza Zamani*, Mostafa Motallebi, Mehdi Sadeghi (2005) "Cloning and characterization of cbhII gene from *Trichoderma parceramosum* and its expression in *Pichia pastoris*" *Iranian Journal of Biotechnology*, Vol. 3, No. 4, 204-215
119. M. S. Atri, A. A. Saboury, M. Rezaei-Tavirani, M. H. Sanati, A. A. Moosavi-Movahedi, **M. Sadeghi**, H. Mansuri-Torshizi, M. Khodabandeh (2005) "Binding Properties and Conformational Change of Human Growth Hormone upon Interaction with Fe^{+3} ", *Thermochimica Acta*. 438: 178-183
120. **Mehdi Sadeghi**, Sahar Parto, Shahriar Arab and Bijan Ranjbar (2005) "Prediction of protein secondary structure based on residue pair types and conformational states using dynamic programming algorithm", *FEBS Letters*, 579: 3397-3400
121. Seyed-omid ranaei, Gholam-Hossein Riazi, **Mehdi Sadeghi** and et al (2004) "Modification of substrate inhibition of synaptosomal acetylcholinesterase by cardiotoxin", *J. Biochem. Mol. Biol.*, 37: 330-338

122. Davood Ajloo, Ali akbar Moosavi Movahedi, **mehdi Sadeghi** and Housain Gharibi (2002) "Comparative structural and functional studies of avian and mammalian hemoglobin", Acta Biochemica Polonica, 49: 459-470
123. Hossein Naderi-Manesh, **Mehdi Sadeghi**, Shahriar Arab and Ali Akbar Moosavi movahedi (2001) "Prediction of protein surface accessibility with information theory", PROTEINS, 42: 452-459
124. B. Goliaei , A. Rabbani , F. Assadion, H. Keshavarzi , and **M.Sadeghi** (1991) " Effects of environmental pH on the production of hematopoietic growth factors", J.Sci.I.R.Iran , 2: 5-10

- ۱- **مهدی صادقی**، علی اکبر موسوی موحدی " پایداری حرارتی پروتئین ها و کاربرد آن در بیوتکنولوژی"، فصل ۷ ، ۲۶۳-۲۸۷، شیمی فیزیک ماکرو ملکول های حیاتی، انتشارات دانشگاه تهران
- ۲- **مهدی صادقی**، علی اکبر موسوی موحدی " سنتز ژن " ، نشریه شیمی و مهندسی شیمی، سال دوازدهم، شماره یک، ۵۱-۵۹ ، ۱۳۷۲
- ۳- **مهدی صادقی**، علی اکبر موسوی موحدی " RNA های کاتالیتیک"، نشریه شیمی و مهندسی شیمی، سال یازدهم، شماره یک، ۷۵-۸۲، ۱۳۷۱
- ۴- **مهدی صادقی**، علی اکبر موسوی موحدی " آیزیم ها؛ آنتی بادی های کاتالیتیک" نشریه شیمی و مهندسی شیمی، سال دهم ، شماره یک، ۱۱۰-۱۱۶، ۱۳۷۰
- ۵- مهناز حبیبی، چنگیز اصلاحچی، حمید پزشکی، **مهدی صادقی** " روشی تحلیلی برای نسبت دادن ساختمان دوم پروتئین" مجله علوم دانشگاه تهران، جلد سی و چهارم شماره ۳، ۴۱-۴۸، ۱۳۸۷
- ۶- نارسیس آفتاب کیانی، **مهدی صادقی**، چنگیز اصلاحچی " نقشه های تماس اروتئینی اسید آمینه محور" مجله علوم دانشگاه تهران، جلد سی و چهارم شماره ۳، ۴۹-۵۴، ۱۳۸۷
- ۷- سیما نقی زاده، حمید پزشکی، **مهدی صادقی**، محسن محمدزاده، چنگیز اصلاحچی " پیرایشی بر الگوی وابستگی چپ به راست و راست به چپ برای پیشگویی ساختار دوم، مجله علوم دانشگاه تهران، جلد سی و چهارم شماره ۳، ۵۹-۶۸، ۱۳۸۷
- ۸- جواد ظهیری، قاسم مهدور، عباس نوذری دالینی، هایده اهرابیان، **مهدی صادقی** " یک الگوریتم برنامه نویسی پویای جدید برای بلاک بندی هاپلوتایپ ها" مجله علوم دانشگاه تهران، جلد سی و چهارم شماره ۳، ۷۵-۷۹، ۱۳۸۷
- ۹- **مهدی صادقی**، صفر وفادار دولق " ماده تاریخ و استفاده از رایانه در ساختن آن" فصلنامه تخصصی سبک شناسی نظم و نثر فارسی، سال سوم، شماره چهارم، ۲۳۱-۲۴۳، ۱۳۸۹
- ۱۰- سید شهریار عرب، **مهدی صادقی**، چنگیز اصلاح چی، حمید پزشکی " پیش گویی انعطاف پذیری قطعات پروتئینی با استفاده از پروفایل انرژی" علوم و فناوری زیستی مدرس، دوره ۱، شماره ۱، ۱-۷، ۱۳۸۹
- ۱۱- رحیم جعفری ، مهدی میرزایی، مجید عرفانی مقدم، مهدی صادقی، مقایسه کارایی یک تابع انرژی دانش پایه و یک تابع نیروی دانش پایه در نمره دهی کمپلکسهای پروتئین-پروتئین ، مجله پژوهشهای سلولی و مولکولی(مجله زیست شناسی ایران) 1393 جلد 27 ، شماره ۴

مقاله در سمینارها و کنگره های داخلی و خارجی

۱- تصحيح كمترين خطا در بازسازي هاپلوتيب با يك الگوريتم سريع ، چهاردهمين كنفرانس مهندسي پزشكي
ايران
تهران، ۱۳۸۶
مهدی صادقی، هايده اهراتيان، عباس نوزدي، جواد محمد زاده ، محمد صادق شيخاني و جواد ظهيري

۲- international Conference of Numerical ‘Haplotyping Problem, A Clustering Approach
Analysis and Applied Mathematics
۲۰۰۷، Greece
Changiz Eslahchi, **Mehdi Sdaeghi**, Hamid Pezeshk, Mehdi Kargar and Hadi
Poormohamadi

۳- تخصيص ساختمان دوم پروتئين با استفاده از آنتروپي، پنجمين همایش ملي بيوتکنولوژی جمهوري اسلامي
ايران
تهران، ۱۳۸۶
مهناز حبيبي، حميد پزشك، چنگيز اصلاح جي، **مهدی صادقی**

۴- ston: روشي جديد براي مقايسه ساختمان سه بعدي پروتئين ها، پنجمين همایش ملي بيوتکنولوژی جمهوري
اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶
سيد شهريار عرب، چنگيز اصلاح جي، **مهدی صادقی**، امير مسعود رحيمي، حيدر معبودي افخم

۵- اثر افزايش اطلاعات سطح در دسترس اسيد هاي آمينه بر بهبود پيش بيني ساختار دوم در پروتئين ها، پنجمين
همایش ملي بيوتکنولوژی جمهوري اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶
حميد پزشك، **مهدی صادقی**، سيد امير مرعشي، امير مومن ركن آبادي

۶- الگوريتم خوشه بندي براي مساله بازسازي هاپلوتيب ها، پنجمين همایش ملي بيوتکنولوژی جمهوري اسلامي
ايران
تهران، ۱۳۸۶
مهدي كارگر، حميد پزشك، هادي پور محمدي، ليلا پير حاجي، چنگيز اصلاح جي، **مهدی صادقی**

۷- تركيبی از مدل هاي مارکفي پنهان و شبکه هاي عصبي براي تعيين ساختار دوم پروتئين ها، پنجمين همایش
ملي بيوتکنولوژی جمهوري اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶
حميد پزشك، **مهدی صادقی**، چنگيز اصلاح جي، سيد امير ملك پور

۸- شناسايي الگوها در توالي هاي زيستي با استفاده از آماره مربع كاي و روش هاي مبتني بر اندازه گيري
پيچيدگي، پنجمين همایش ملي بيوتکنولوژی جمهوري اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶
ليلا پير حاجي، **مهدی صادقی**، مهدي كارگر، آرميتا شعاري، هادي پور محمدي، حميد پزشك، چنگيز اصلاح جي

۹- الگوريتمي براي بلاك بندي هاپلوتيب ها بر مبناي درخت هاي فيلوژنتيك كامل، پنجمين همایش ملي
بيوتکنولوژی جمهوري اسلامي ايران

تهران، ۱۳۸۶
چنگیز اصلاح چي، حميد پزשك، مهدي صادقي، نرجس افصلي

۱۰- الگوريتم حريصانه براي مساله تشخيص كمتريں تعداد هاپلوتيب ها از ژنوتيب ها
پنجمين همایش ملي بيوتكنولوژی جمهوري اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶

هادي پور محمدي، حميد پزشك، مهدي كارگر، ليلا پير حاجي، چنگيز اصلاح چي، مهدي صادقي

۱۱- الگوريتمي براي پيدا كردن موتيف هاي توالي DNA بر مبناي جبر خطي، پنجمين همایش ملي بيوتكنولوژی
جمهوري اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶

عليرضا شيخ عطار، چنگيز اصلاح چي، حميد پزشك، مهدي صادقي

۱۲- بررسي پيچيدگي توالي هاي آيينهاي در پروتئين ها، پنجمين همایش ملي بيوتكنولوژی جمهوري اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶

آرميتا شعاري، مهدي صادقي، مهدي كارگر، سيد امير مرعشي، حميد پزشك، چنگيز اصلاح چي

۱۳- مقايسه ساختار دوم RNA، پنجمين همایش ملي بيوتكنولوژی جمهوري اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶

فاطمه زارع، عباس نوزري، هايده اهرابيان، مهدي صادقي

۱۴- بازسازي هاپلوتيب ها با استفاده از الگوريتم K میانگين، پنجمين همایش ملي بيوتكنولوژی جمهوري اسلامي
ايران
تهران، ۱۳۸۶

جواد محمدزاده، عباس نوزري، مهدي صادقي، هايده اهرابيان، محمد صادق شيخاني، سميه سادات هاشمي فر

۱۵- يافتن موقعيت هاي دايداد با الگوريتم ژنتيك، پنجمين همایش ملي بيوتكنولوژی جمهوري اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶

سميه سادات هاشمي فر، مهدي صادقي، بهرام گليايي، عباس نوزري، هايده اهرابيان، فاطمه زارع

۱۶- روشي جديد براي نسبت دادن ساختار دوم پروتئين بر اساس روابط رياضياتي بين مختصات سه بعدي،
پنجمين همایش ملي بيوتكنولوژی جمهوري اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶

سيد رزگار حسيني، مهدي صادقي، مهناز حبيبي، چنگيز اصلاح چي

۱۷- بررسي ساختار بلوكي در SNP هاپلوتيب ها با استفاده از نظريه اطلاعات، پنجمين همایش ملي
بيوتكنولوژی جمهوري اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶

سيد علي كتان فروش، مهدي صادقي، حميد پزشك، چنگيز اصلاح چي

۱۸- مسائل محاسباتي در شناسايي هاپلوتيب ها، پنجمين همایش ملي بيوتكنولوژی جمهوري اسلامي ايران
تهران، ۱۳۸۶

مهدي صادقي

The first conference ‘An algorithm for construction of all perfect phylogeny matrices -۱۹
and workshop on mathematical chemistry
تهران، ۱۳۸۶

Hanieh Mirzaei, Sarah Ahmadian, Sepideh Mahabadi, **Mehdi Sadeghi**, Changiz Eslahchi,
Hamid Pezeshk

۲۰- ترجمه معکوس توالی های پروتئینی با استفاده از نظریه اطلاعات، اولین همایش بیوانفورماتیک ایران
تهران، ۱۳۸۲
مهدی صادقی و شهریار عرب

۲۱- مطالعه مدل سازی پیوند شدن بیلری روبین با برش ۱۸۶-۲۰۰ از پروتئین آلبومین سرم خون انسان، ششمین
کنفرانس بیوشیمی فیزیک ایران
دامغان، ۱۳۸۳
زینب موسوی موحدی، منصور زاهدی، همایون بهرامی، **مهدی صادقی**، شاهرخ صفریان، علی اکبر موسوی
موحدی

۲۲- تاثیر نمکها بر فشردگی و باز شدگی جایگاه فعال آنزیم RNAs A، ششمین کنفرانس بیوشیمی فیزیک ایران
دامغان، ۱۳۸۳
علی اکبر موسوی موحدی، محسن قرنفل، سیف الله جلیلی، جمشید چمنی، **مهدی صادقی**،

۲۳- جایگزینی اسیدهای آمینه و پایداری حرارتی پروتئین های تر موویل، ششمین کنفرانس بیوشیمی فیزیک ایران
دامغان، ۱۳۸۳
حسین نادری منش، محبوبه ضرابی، **مهدی صادقی**، علی اکبر موسوی موحدی

۲۴- Importance of messenger RNA secondary structures in the splicing of transcripts in
8th Iranian congress of Biochemistry and The 1st ‘Baker’s Yeast: A computational survey
International Congress of Biochemistry and Molecular Biology
تهران، 2005

SayedAmir Marashi, **Mehdi Sadeghi**, Changiz Eslahchi, Hamid Pezeshk, Reza Behrouzi,
Hani Goodarzi

۲۵- A novel method for protein accessibility prediction in 1D by taking into account pair
8th Iranian ‘residue types and states information using dynamic programming algorithm
congress of Biochemistry and The 1st International Congress of Biochemistry and
Molecular Biolog
تهران، 2005

Roghayeh Zarei, **Mehdi Sadeghi**, Shahriar Arab

۲۶- Improvement of predictions of donor and acceptor splice sites using RNA structure
Evolutionary of Biomolecular Structure ‘information
2006 ‘Vienna

SayedAmir Marashi, Changiz Eslahchi, Hamid Pezeshk, **Mehdi Sadeghi**,

- Mathematical models in Engineering, Biology and Medicine 2008, Spain
‘A heuristic algorithm for haplotype inference by pure parsimony’ -27
Hadi Poormohamadi, Changiz Eslahchi, Mehdi Kargar, **Mehdi Sadeghi**, Hamid Pezeshk
- Mathematical models in Engineering, Biology and Medicine 2008, Spain
‘The analysis of protein structures based on graph theory’ -28
Mahnaz Habibi, Changiz Eslahchi, Hamid Pezeshk, **Mehdi Sadeghi**
- Mathematical models in Engineering, Biology and Medicine 2008, Spain
‘Secondary structure assignment using entropy’ -29
Changiz Eslahchi, Mahnaz Habibi, Hamid Pezeshk, **Mehdi Sadeghi**
- A Proposed Model for Mechanism of Exon Skipping in Human and Mouse -30
Transcripts، سومين كنفرانس بيوانفورماتيك ايران
تهران، ۱۳۸۸
Aslanzadeh V. , **Sadeghi M.**, Zare-Mirakabad F., Haghazari A., Hafezparast M
- Position Dependencies in Human and Mouse Cassette Exons and Retained Intron -31
Splice Sites، سومين كنفرانس بيوانفورماتيك ايران
تهران، ۱۳۸۸
Aslanzadeh V., **Sadeghi M.** , Haghazari A., Zare-Mirakabad F. , Gaderian M.
- Overlap Divide and Conquer: A New Method for Haplotype Inference with -32
Maximum Parsimony، سومين كنفرانس بيوانفورماتيك ايران
تهران، ۱۳۸۸
Taheri M. , **Sadeghi M.** , Ghasem Aghae N.
- A New Scoring Function for Discrimination of Native Structures from Decoys، سومين
كنفرانس بيوانفورماتيك ايران
تهران، ۱۳۸۸
Mirzaie M. , **Sadeghi M.** , Eslahchi C., Pezeshk H.
- Modeling and Implementing an Agent-Based System for Prediction of Proteins -34
Relative Solvent Accessibility، سومين كنفرانس بيوانفورماتيك ايران
تهران، ۱۳۸۸
Meshkin A., Ghasem Aghae N. , **Sadeghi M.**
- Comparison of Different Softwares for Haplotype Inference Based on Number of -35
Genotypes Required for a Specific Accuracy، سومين كنفرانس بيوانفورماتيك ايران
تهران، ۱۳۸۸
Ferdosi M. H., Esmailizadeh A. , **Sadeghi M.**, Katanforoush A.

۳۶- Informative SNP Selection by Particle Swarm Optimization، سومین کنفرانس بیوانفورماتیک
ایران
تهران، ۱۳۸۸

Ghasem Mahdevar, Javad Zahiri, **Mehdi Sadeghi**, Hayedeh Ahrabian, Abbas Nowzari-Dalini

۳۷- Haplotype Inference with Greedy Parsimonious Tree Grow Method، سومین کنفرانس
بیوانفورماتیک ایران
تهران، ۱۳۸۸

Taheri M. , **Sadeghi M.**, Aghae Naser Gh.

۳۸- Application of Haplotype Block Partitioning in Genome-Wide Case-Control
Association Study، سومین کنفرانس بیوانفورماتیک ایران
تهران، ۱۳۸۸

Katanforoush A. , **Sadeghi M.** , Pezeshk H. , Elahi E.

۳۹- A Matrix Based Pattern Template for Protein Patterns Induced on Genome، سومین
کنفرانس بیوانفورماتیک ایران
تهران، ۱۳۸۸

Foroughmand Araab M. H. , Goliaei B. , **Sadeghi M.**, Alishah K.

۴۰- A Protein Fold Combined Classifier Based on Information Content of Sequence
Extracted Features and PSSM، نهمین کنفرانس بیوشیمی فیزیک ایران
تهران، ۱۳۸۸

Kaveh Kavousi , Behzad Moshiri , **Mehdi Sadeghi**,
Aliakbar Moosavi-Movahedi , Babak N. Araabi

۴۱- Distance-dependent atomic knowledge-based potential، نهمین کنفرانس بیوشیمی فیزیک ایران
تهران، ۱۳۸۸

Mehdi Sadeghi

Comparative analysis of co-expression networks reveals molecular changes
during the cancer progression

P. Khosravi, V. H. Gazestani, B. Law, G. D. Bader² and M. Sadeghi

*World Congress on Medical Physics and Biomedical Engineering, June 7-12, 2015,
Toronto, Canada*

protein three dimensional structure prediction - 43
هفدهمین کنفرانس شیمی فیزیک ایران، تهران ۱۳۹۳

Mehdi Sadeghi

۴۴- داده های عظیم در دوران پساژنوم، همایش داده های عظیم، تهران ۱۳۹۳، مهدی صادقی

- 45- Mehdi mirzaiea, Mehdi Sadeghi, Discrimination of Native Protein Structure from Decoys Using Nonlocal Interactions Based on Delaunay Tessellation, The 5th Iranian Conference on Bioinformatics, 22-24 May 2014
- 46- Saeideh Khodaeaa, Shahrzad Shaterzadeh Oskouei , Negin Najafi, Mehdi Sadeghi, Prediction of protein-protein interaction based on orthologous, The 5th Iranian Conference on Bioinformatics, 22-24 May 2014
- 47- Mohsen Salehi, Abbas Nowzari-dalini, Mehdi Sadeghi, RNA-Protein Interaction Prediction by Co-Evolutionary Analysis, The 5th Iranian Conference on Bioinformatics, 22-24 May 2014
- 48- Samira Kazemi, Mehdi Sadeghi, Abbas Nowzari-dalini, RNA Inverse Folding Prediction Problem, The 5th Iranian Conference on Bioinformatics, 22-24 May 2014
- 49- Mohadeseh Fakharian, Abbas Nowzari-Dalini, Mehdi sadeghi, Peptide Structure Fingerprinting (pSF): a fold recognition approach to predict 3D'structures of protein sequences, First Human Y chromosome proteome project symposium, 9 January, 2014
- 50- Seyyed Amir Malek pour, Hamid Pezeshk, mehdi sadeghi, Detecting genome-wide Copy Number Variation from Next Generation Sequencing data, 13th Iranian Statistics Conference, kerman, 2016
- 51- The role and importance of genome sequencing in prediction of cancer risk, 19th international conference on bioinformatics and bioengineering, August 2017, Vancouver, Canada

۵۲- استراتژی های پایدار تکاملی، تکامل زیستی ، دانشگاه تهران، اردیبهشت ۱۳۹۶

53- N. Ejlali. , H. Pezeshk. and M. Sadeghi. A Note on the Parrondo's Paradox The 10th Seminar on Probabilty and Stochastic Processes (2015), 140

54- P. Khosravi. , V. H. Gazestani. , B. Law. , G. D. Bader. and M. Sadeghi.
Comparative analysis of co-expression networks reveals molecular changes during the cancer progression IFMBE 51 (2015), 1481

کتاب:

- ۱ - انفورماتیک پساژنومی/ مینورو کانه هیسا؛ ترجمه مهدی صادقی ، تهران: پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، ۱۳۹۰.
- ۲- ریاضیات زیبا: جان نش، نظریه بازی ها، و جستجو برای رمز طبیعت/ تام سیگفرید؛ ترجمه مهدی صادقی، تهران : نشر نی، ۱۳۹۰
- ۳- میانی بیوانفورماتیک/ مولف جین ژیانگ ؛ ترجمه مهدی صادقی، محمدحسین ذابح جزی، مرضیه خواجویی نژاد ، تهران : خانه زیست شناسی ، ۱۳۹۱
- ۴- چپستی تکامل، ارنست مایر، ترجمه مهدی صادقی، نشر نی، ۱۳۹۶

تدریس:

تدریس دروس بیوانفورماتیک - مهندسی پروتئین و ساختار ماکرومولکول ها و زیست شناسی مولکولی در دوره های کارشناسی ارشد و دکتری در دانشگاه های تهران، تربیت مدرس ، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، امام حسین و آزاد اسلامی

راهنمایی و مشاوره پایان نامه دکتری:

۱- ناریس کیانی دکتری تخصصی دانشگاه آزاد اسلامی-واحد علوم و تحقیقات ۱۳۸۷ روشهای جدید حل سیستم های فازی و یک نرم افزار برای بکارگیری آنها (راهنما)

۲- علی اصغر رستگاری دکتری تخصصی دانشگاه آزاد اسلامی-واحد علوم و تحقیقات ۱۳۸۷ بر هم کنش سلولاز با مواد فعال سطحی کاتیونی: استفاده از الکترودهای انتخاب گر غشایی ماده فعال سطحی (مشاور)

۳- سیما نقی زاده دکتری تخصصی دانشگاه تربیت مدرس ۱۳۸۸ بررسی ارتباط میان گسیل ها در الگوهای مارکف پنهان و کاربرد آن در بیوانفورماتیک (مشاور)

۴- مهدی میرزایی دکتری تخصصی دانشگاه شهید بهشتی ۱۳۸۸ تشخیص ساختار طبیعی پروتئین بر اساس نظریه بازی ها (راهنما)

۵- مریم زارع میرک آباد دکتری تخصصی دانشگاه تهران ۱۳۸۸ الگوریتم های پیدا کردن موتیف در توالی های زیستی (مشاور)

۶- علی کتانفروش دکتری تخصصی دانشگاه تهران ۱۳۸۸ مسائل محاسباتی در شناسایی هاپلوتیپ ها (راهنما)

۷- شهریار عرب دکتری تخصصی دانشگاه تهران ۱۳۸۸ مقایسه و پیشگویی ساختمان سوم پروتئین ها بر مبنای پتانسیل نیروی میانگین محلی (راهنما)

۸- غلامعلی کاردر دکتری تخصصی پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری ۱۳۸۹ مطالعه ترشح فاکتور ۸ انعقادی انسانی پس از تغییرات اسیدهای آمینه ای در ناحیه A1 با روش جهش زایی هدفمند (مشاور)

۹- مهناز حبیبی دکتری تخصصی دانشگاه شهید بهشتی ۱۳۸۹ بررسی کارکرد پروتئین ها با استفاده از نظریه گراف (مشاور)

۱۰- میترا میرزا رضایی دکتری علوم و تحقیقات دانشگاه آزاد ۱۳۹۰ مدل سازی و ساخت شبکه پویای ترائکشن های فیزیکی پروتئین ها به کمک روش های مبتنی بر یادگیری (راهنما)

۱۱- کاوه کاوسی دکتری دانشکده فنی دانشگاه تهران ۱۳۹۱ طبقه بندی خوکار دامنه پروتئین با رویکرد ترکیب اطلاعات(راهنما)

۱۲- انسیه صالح قمری دکتری دانشگاه تهران ۱۳۹۱ تعیین ژن های هدف PhoP در *Streptomyces clavuligerus* و بررسی اثر تخریب این ژن در اکتینومایست مدل *Strptomyces coelcolor* (مشاور)

۱۳- وجیهه اسکندری دکتری پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری ۱۳۹۱ طراحی نرم افزاری یک پپتید اختصاصی متصل شونده به کادمیم و ساخت سیستم نمایش سطحی باکتریایی بر اساس پپلی cs3 از آن (راهنما)

۱۴- رحیم جعفری دکتری نانوبیوتکنولوژی دانشگاه تربیت مدرس ۱۳۹۲ بررسی کارایی تابع نمره دهی بر اساس مدل نیرو به منظور تشخیص کمپلکس های طبیعی پروتئین از غیرطبیعی (راهنما)

۱۵- محی الدین جعفری دکتری پروتئومیکس کاربردی دانشگاه شهید بهشتی ۱۳۹۲ بررسی تحلیلی و مقایسه ای شبکه اندرکنش پروتئینی میتوکندری در موجودات یوکاریوتی پر یاخته ای منتخب (راهنما)

۱۶- ژاله صفی خانی دکتری بیوانفورماتیک دانشگاه تهران ۱۳۹۲ ارائه الگوریتمی برای پیدا کردن توالی های پیرایش شده در محصولات رونویسی ژنوم (راهنما)

۱۷- قاسم مهدور دکتری بیوانفورماتیک دانشگاه تهران ۱۳۹۳ استنتاج شبکه تنظیم ژنها (راهنما)

۱۸- مریم پورکمالی انارکی دکتری مهندسی کامپیوتر واحد علوم و تحقیقات دانشگاه آزاد ۱۳۹۳ بازسازی هاپلوتیپ ها به کمک خوشه بندی مبتنی بر محاسبات ملهم از زیست (راهنما)

۱۹- الناز صابری انصاری دکتری بیوانفورماتیک دانشگاه تهران ۱۳۹۳ تخصیص زمین های ساختاری پروتئین ها با استفاده از مجموعه احاطه گر (مشاور)

۲۰- علیرضا وظیفه دوست دکتری مهندسی برق و کامپیوتر دانشگاه تهران ۱۳۹۳ پاکسازی شبکه های تعامل پروتئین- پروتئین با استفاده از روش های ترکیب داده (مشاور)

۲۱- پگاه خسروی دکتری بیوانفورماتیک دانشگاه تهران ۱۳۹۳ آنالیز دینامیک شبکه سلولی از طریق مطالعه ماهیت برهم کنش ها و هاب ها (مشاور)

۲۲- علی شریفی زارچی دکتری بیوانفورماتیک دانشگاه تهران ۱۳۹۴ مدل سازی محاسباتی اپی ژنومیک و ترانسکریپتومیک فرایند تمایز سلولی (راهنما)

۲۳- فائزه دری، دکتری بیوانفورماتیک دانشگاه تهران، ۱۳۹۵ مدل سازی تصمیم گیری سلولی (راهنما)

۲۴- فرشته چیت سازیان، دکتری بیوانفورماتیک دانشگاه تهران، ۱۳۹۵، پیدا کردن الگوهای نشانه های هیستونی در ژنوم انسان (راهنما)

۲۵- سید امیر ملک پور، دکتری آمار دانشگاه تهران ۱۳۹۶، پیش بینی تعداد کپی ژنی در سطح ژنوم با استفاده از یک مدل محاسباتی، (مشاور)

۲۶- زهرا زمانزاده، دکتری بیوتکنولوژی پزشکی ۱۳۹۵، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری (مشاور)

راهنمایی و مشاوره پایان نامه کارشناسی ارشد:

- ۱- سحر پرتو کارشناسی ارشد دانشگاه تربیت مدرس ۱۳۸۳ پیشگویی ساختمان دوم پروتئین ها بر مبنای اطلاعات حاصل از ترکیب جفت اسیدهای آمینه در ساختمان های مختلف (راهنما)
- ۲- حسین رضا رستمی کارشناسی ارشد دانشگاه تربیت مدرس ۱۳۸۳ مطالعه عوامل ساختمانی موثر بر پایداری پروتئین های ترموفیل در بازه های دمایی (مشاور)
- ۳- رویا برزگر پروانی کارشناسی ارشد دانشگاه آزاد اسلامی-واحد علوم و تحقیقات ۱۳۸۳ پیشگویی و تعیین گدونه های ژنتیکی با استفاده از توالی اسیدهای آمینه (راهنما)
- ۴- سید محمد مهدوی کارشناسی ارشد دانشگاه آزاد اسلامی-واحد علوم و تحقیقات ۱۳۸۴ بررسی نقش سرم آلبومین در تامین فشار اسمزی خون در حالت تب (مشاور)
- ۵- ابوالفضل هادی زاده کارشناسی ارشد دانشگاه آزاد اسلامی-واحد علوم و تحقیقات ۱۳۸۴ مطالعه اثر برخی مشتقات آلفا دی اکسیم بر روی پایداری آنزیم پراکسیداز تریچه (مشاور)
- ۶- مهر افروز محمدی کارشناسی ارشد دانشگاه آزاد اسلامی-واحد علوم و تحقیقات ۱۳۸۴ بررسی عوامل پایداری حرارتی پروتئین های ترموفیل در مقایسه با پروتئین های مزوفیل و پیدا کردن آگوهای مناسب جهت پایداری (راهنما)
- ۷- رقیه زارعی کارشناسی ارشد دانشگاه خاتم ۱۳۸۴ پیشگویی سطح در دسترس حلال اسید های آمینه بر مبنای تمایل جفتی با استفاده از تئوری اطلاعات و برنامه نویسی دینامیک (راهنما)
- ۸- سید امیر مرعشی کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۸۴ بهبود روش های پیش گویی مکان های پیرایش در توالی های ژنومی جهت تعیین مناطق کد کننده ژنها (راهنما)
- ۹- امین حنایی اهواز کارشناسی ارشد دانشگاه شیراز ۱۳۸۴ بررسی روشهای هوشمند جهت ترجمه معکوس توالی های اسید آمینه (راهنما)
- ۱۰- نزهت صفایی کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۸۵ کلونینگ و بیان ژن GRP94 از لیشمانیا ماژور و بررسی آنتی ژنیسیته آن توسط سرم افراد مبتلا و بهبود یافته لیشمانیوز پوستی
- ۱۱- رابعه خوشنویس زاده کارشناسی ارشد دانشگاه آزاد اسلامی-واحد علوم و تحقیقات ۱۳۸۵ ارتباط جایگاه فعال آنزیم با ساختمانهای دوم و سوم تایروزیناز قارچ خوراکی (مشاور)
- ۱۲- صفورا امیری کارشناسی ارشد دانشگاه آزاد اسلامی-واحد علوم و تحقیقات ۱۳۸۶ بر همکنش یون نیکل با هورمون رشد انسانی (راهنما)

- ۱۳- علیرضا شیخ عطار کارشناسی ارشد دانشگاه شهید بهشتی ۱۳۸۶ الگوریتم Libra روشی جدید برای یافتن موتیف بر مبنای جبر خطی (مشاور)
- ۱۴- پویا داودی کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۸۶ یافتن جفت‌های ماکزیمال با فاصله محدود (راهنما)
- ۱۵- قاسم مهدور کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۸۶ بررسی روش های انتخاب SNP های شاخص (راهنما)
- ۱۶- جواد محمدزاده کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۸۶ بازسازی هاپلوتایپ از روی قطعات SNP (راهنما)
- ۱۷- جواد ظهیری کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۸۶ بررسی مساله بلاک بندی در هاپلوتایپ ها (راهنما)
- ۱۸- سید امیر ملک پور کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۸۷ مدل های مارکوف پنهان در پیش بینی ساختار دوم پروتئین ها (مشاور)
- ۱۹- سمیه هاشمی کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۸۷ یافتن موتیف در رشته های زیستی (راهنما)
- ۲۰- پویا ذاکری کارشناسی ارشد دانشگاه صنعتی اصفهان ۱۳۸۷ بهبود پیشگویی مکان پروتئین های میتوکندری با استفاده از ویژگی های توالی (راهنما)
- ۲۱- محمد حسین معین زاده کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۸۸ بررسی و حل مسئله بازسازی هاپلوتایپ ها یا استفاده از الگوریتم های تکاملی و هوش جمعی (راهنما)
- ۲۲- محمد حسین فردوسی پور کارشناسی ارشد دانشگاه باهنر کرمان ۱۳۸۸ مقایسه روش های محاسباتی برای استنباط هاپلوتایپ ها (راهنما)
- ۲۳- علیرضا مشکین کارشناسی ارشد دانشگاه شیخ بهایی اصفهان ۱۳۸۸ بکار گیری يك سیستم مبتنی بر عامل برای پیش بینی سطح در دسترس نسبی پروتئین (راهنما)
- ۲۴- محسن طاهری کارشناسی ارشد دانشگاه شیخ بهایی اصفهان ۱۳۸۸ روش تقسیم و غلبه همپوش برای استنتاج هاپلوتایپ با شرایط پارسیمونی بیشینه (راهنما)
- ۲۵- وحید اصلان زاده کارشناسی ارشد دانشگاه زنجان ۱۳۸۸ روش های محاسباتی برای پیش بینی آلترناتیو اسپلایسینگ (راهنما)
- ۲۶- سید مرتضی دادوند کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۰ بررسی و تحلیل ساختار پروتئین به کمک نظریه گراف (مشاور)

۲۷- مهدی حیدری کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۰ یافتن الگوی قرارگیری ژنهای همولوگ در ژنوم پروکاریوت ها (راهنما)

۲۸- زینب موثقی نیا کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۰ پیشگویی مکان پیرایش در مولکول های DNA بر مبنای الگوریتم های پیدا الگو روی توالی (راهنما)

۲۹- سعیده خدایی کارشناسی ارشد پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری ۱۳۹۰ روش محاسباتی جدید برای پیش گویی میان کنش بین پروتئین ها (راهنما)

۳۰- سپیده خلیلی کارشناسی ارشد علوم و تحقیقات دانشگاه آزاد ۱۳۹۰ بهبود پیش بینی مکان استقرار پروتئین در هسته با استفاده از ترکیب داده بر مبنای ویژگی های گوناگون توالی های پروتئینی (راهنما)

۳۱- سجاد میرزایی کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۱ تحلیل و بررسی مسئله تجزیه دامنه پروتئین ها از طریق تئوری گراف (راهنما)

۳۲- الهام نیکوکار کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۱ آنالیز گراف های حاصل از ساختار سه بعدی پروتئین های اکستر موفیل برای تشخیص و جداسازی پروتئین های مختلف (راهنما)

۳۳- مینا اخوان کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۱ استخراج بزرگترین زیرساختار مشترک در چندین ساختار دوم RNA با استفاده از دیدگاه کشف کلیک (راهنما)

۳۴- زینب پیریایی کارشناسی ارشد پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری ۱۳۹۱ پیش بینی مکان استقرار درون هسته ای پروتئین ها با استفاده از سیستم ایمنی مصنوعی (راهنما)

۳۵- محمد حسین برگی نیکوکار کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۱ بهبود پیش بینی مکان استقرار پروتئین در هسته با استفاده از برهمکنش پروتئین-پروتئین (راهنما)

۳۶- سید محمد حسین علومی کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۲ شناسایی مارکرهای سلول های سرطانی با استفاده از شبکه های هم بیانی ژنی (راهنما)

۳۷- سمانه سعادت کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۲ سرهم سازی از آغاز قطعات DNA (راهنما)

۳۸- فخاریان کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۲ پیش بینی ساختار سوم پروتئین (راهنما)

۳۹- محمد جواد نیرومند کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۳ پیشگویی مناطق ذاتا بی نظم در پروتئین ها به کمک روش های طبقه بندی محلی (راهنما)

- ۴۰- علی غفاری کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۳ یک رویکرد الگوریتمی مبتنی بر توابع نیروی دانش محور برای پیش بینی ساختار پروتئین (راهنما)
- ۴۱- محسن صالحی کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۳ بررسی الگوریتم های پیش بینی برهمکنش مولکول های RNA- پروتئین (راهنما)
- ۴۲- شیوا شکیبپور دانشگاه صنعتی امیرکبیر ۱۳۹۳ بازسازس هاپلوتایپ ها از داده های ژنوتایپ بر مبنای روش پارسیمونی (مشاور)
- ۴۳- رسول ثقلینی پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری ۱۳۹۳ بازسازی در مقیاس ژنومی شبکه متابولیکی باکتری باسیلوس لیکنی فرمیس و بررسی صحت مدل ساخته شده (مشاور)
- ۴۴- سمیرا کاظمی ناچچی کارشناسی ارشد دانشگاه تهران ۱۳۹۴ بررسی الگوریتم های پیش گویی مسئله تا خوردگی معکوس RNA (راهنما)
- ۴۵- فروغ امینی کارشناسی ارشد دانشگاه قم ۱۳۹۴ طراحی و پیاده سازی مدل برای وزن دهی طبقه بندهای ترکیبی با مطالعه موردی داده ای زیستی (راهنما)
- ۴۶- رایان ساقیان، کارشناسی ارشد سلولی و مولکولی ۱۳۹۵، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، (مشاور)
- ۴۷- شیمیا محمدی، کارشناسی ارشد زیست فناوری صنعت و محیط زیست ۱۳۹۵، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری (مشاور)

عضویت در انجمن های علمی و کمیته های تخصصی:

- کمیته پروتئومیکس بالینی فرهنگستان علوم پزشکی از ۱۳۸۴-۱۳۸۸
- انجمن بیوانفورماتیک (عضو هیئت مدیره) از ۱۳۸۴
- انجمن پروتئومیکس (عضو هیئت مدیره) از ۱۳۸۴-۱۳۸۷
- انجمن بیوتکنولوژی
- انجمن زیست شناسی (مسئول کمیته بیوانفورماتیک) از ۱۳۸۶
- عضو گروه بیوانفورماتیک مرکز تحقیقات بیوشیمی و بیوفیزیک دانشگاه تهران از ۱۳۸۱-۱۳۸۹
- عضو کمیسیون مولکولی گروه بیوتکنولوژی (۱۳۸۴-۱۳۸۲)
- مدیر گروه بیوانفورماتیک مرکز تحقیقات فیزیک نظری و ریاضیات از ۱۳۸۵-۱۳۹۲
- مدیر گروه بیوانفورماتیک پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری از ۱۳۹۰-۱۳۹۲
- عضو کمیته برنامه ریزی، تحول اداری و بهره وری پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری از ۱۳۹۳

عضو کارگروه بیوانفورماتیک پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری از ۱۳۹۳
عضو کارگروه پردازش و یکپارچه سازی داده ها در مرکز همکاری های فناوری و نوآوری
ریاست جمهوری از ۱۳۹۴
مدیر گروه ژنتیک پزشکی پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری از ۱۳۹۵

عضویت در هیئت تحریریه مجلات:

- 1- Iranian Journal of Biotechnology
- 2- Progress in Biological Sciences
- 3- Avicenna Journal of Medical Biotechnology

جوایز:

رتبه اول دوره کارشناسی دانشگاه تهران
رتبه اول دوره کارشناسی ارشد دانشگاه تهران
پژوهشگر برتر سال ۱۳۸۹ پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری