

Dr. Kliment Olechnovič

Atnaujinta 2021-08-19.

Nuoroda į CV anglų kalba: <https://www.kliment.lt> | [pdf](#).

Bendra informacija

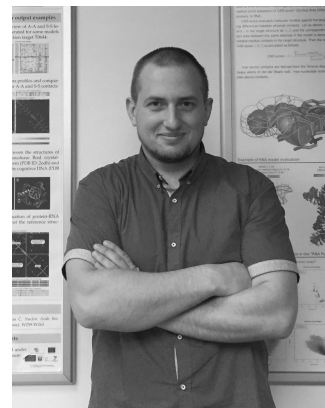
Darbas Vyresnysis mokslo darbuotojas Vilniaus universiteto Gyvybės mokslų centre
E-paštas kliment.olechnovic@bti.vu.lt

Nuorodos į publikacijų ir sukurtos programinės įrangos profilius:

Google Scholar https://scholar.google.lt/citations?user=uT_t5ewAAAAJ

ORCID <https://orcid.org/0000-0003-4918-9505>

GitHub <https://github.com/kliment-olechnovic>



Pagrindiniai moksliniai interesai

- Struktūrinė bioinformatika
- Mašininis mokymasis
- Skaičiuojamoji geometrija

Išsilavinimas

2012–2017 Informatikos mokslų daktaras, Vilniaus universitetas
2010–2012 Informatikos magistras (kompiuterinis modeliavimas), Vilniaus universitetas (*Magna Cum Laude*)
2005–2009 Informatikos bakalauras (bioinformatika), Vilniaus universitetas

Darbo patirtis

2020–dabar Vyresnysis mokslo darbuotojas (Vilniaus universitetas / Gyvybės mokslų centras / Biotechnologijos institutas)
2017–dabar Mokslo darbuotojas (Vilniaus universitetas / Gyvybės mokslų centras / Biotechnologijos institutas)
2013–2017 Jaunesnysis mokslo darbuotojas (Vilniaus universitetas / Biotechnologijos institutas)
2010–2013 Inžinierius tyrėjas (Vilniaus universitetas / Biotechnologijos institutas)
2009–2010 Laborantas (Biotechnologijos institutas, Vilnius)
2007–2008 C++ programuotojas (4Team Corporation, Vilnius)

Publikacijos

Publikacijos recenzuojamuose žurnaluose

1. [Modeling of protein complexes in CASP14 with emphasis on the interaction interface prediction.](#)
Dapkūnas J, Olechnovič K, Venclovas Č.
Proteins. 2021 Jun 27.
[doi:10.1002/prot.26167](https://doi.org/10.1002/prot.26167).
[PMID:34176161](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34176161/).
2. [VoroContacts: a tool for the analysis of interatomic contacts in macromolecular structures.](#)
Olechnovič K, Venclovas Č.
Bioinformatics. 2021 Jun 16. [pdf](#).
[doi:10.1093/bioinformatics/btab448](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btab448).
[PMID:34132767](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34132767/).
3. [VoroCNN: Deep convolutional neural network built on 3D Voronoi tessellation of protein structures.](#)
Igashov I, Olechnovič K, Kadukova M, Venclovas Č, Grudinin S.
Bioinformatics. 2021 Feb 23.

[doi:10.1093/bioinformatics/btab118](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btab118).
[PMID:33620450](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33620450/).

4. [Template-based modeling of diverse protein interactions in CAPRI rounds 38-45](#).
Dapkūnas J, Kairys V, **Olechnovič K**, Venclovas Č.
Proteins. 2020 Aug;88(8):939-947.
[doi:10.1002/prot.25845](https://doi.org/10.1002/prot.25845).
[PMID:31697420](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31697420/).
5. [Blind prediction of homo- and hetero-protein complexes: The CASP13-CAPRI experiment](#).
Lensink MF, Brysbaert G, Nadzirin N, Velankar S, Chaleil RAG, Gerguri T, Bates PA, Laine E, Carbone A, Grudinin S, Kong R, Liu RR, Xu XM, Shi H, Chang S, Eisenstein M, Karczynska A, Czaplewski C, Lubecka E, Lipska A, Krupa P, Mozolewska M, Golon Ł, Samsonov S, Liwo A, Crivelli S, Pagès G, Karasikov M, Kadukova M, Yan Y, Huang SY, Rosell M, Rodríguez-Lumbreras LA, Romero-Durana M, Díaz-Bueno L, Fernandez-Recio J, Christoffer C, Terashi G, Shin WH, Aderinwale T, Maddhuri Venkata Subraman SR, Kihara D, Kozakov D, Vajda S, Porter K, Padhorny D, Desta I, Beglov D, Ignatov M, Kotelnikov S, Moal IH, Ritchie DW, Chauvot de Beauchêne I, Maigret B, Devignes MD, Ruiz Echartea ME, Barradas-Bautista D, Cao Z, Cavallo L, Oliva R, Cao Y, Shen Y, Baek M, Park T, Woo H, Seok C, Braitbard M, Bitton L, Scheidman-Duhovny D, Dapkūnas J, **Olechnovič K**, Venclovas Č, Kundrotas PJ, Belkin S, Chakravarty D, Badal VD, Vakser IA, Vreven T, Vangaveti S, Borrmann T, Weng Z, Guest JD, Gowthaman R, Pierce BG, Xu X, Duan R, Qiu L, Hou J, Ryan Merideth B, Ma Z, Cheng J, Zou X, Koukos PI, Roel-Touris J, Ambrosetti F, Geng C, Schaarschmidt J, Trellet ME, Melquiond ASJ, Xue L, Jiménez-García B, van Noort CW, Honorato RV, Bonvin AMJJ, Wodak SJ.
Proteins. 2019 Dec;87(12):1200-1221.
[doi:10.1002/prot.25838](https://doi.org/10.1002/prot.25838).
[PMID:31612567](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31612567/).
6. [Structural modeling of protein complexes: Current capabilities and challenges](#).
Dapkūnas J, **Olechnovič K**, Venclovas Č.
Proteins. 2019 Dec;87(12):1222-1232.
[doi:10.1002/prot.25774](https://doi.org/10.1002/prot.25774).
[PMID:31294859](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31294859/).
7. [Estimation of model accuracy in CASP13](#).
Cheng J, Choe MH, Elofsson A, Han KS, Hou J, Maghrabi AHA, McGuffin LJ, Menéndez-Hurtado D, **Olechnovič K**, Schwede T, Studer G, Uziela K, Venclovas Č, Wallner B.
Proteins. 2019 Dec;87(12):1361-1377.
[doi:10.1002/prot.25767](https://doi.org/10.1002/prot.25767).
[PMID:31265154](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31265154/).
8. [VoroMQA web server for assessing three-dimensional structures of proteins and protein complexes](#).
Olechnovič K, Venclovas Č.
Nucleic Acids Res. 2019 Jul 2;47(W1):W437-W442.
[doi:10.1093/nar/gkz367](https://doi.org/10.1093/nar/gkz367).
[PMID:31073605](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31073605/).
9. [Comparative analysis of methods for evaluation of protein models against native structures](#).
Olechnovič K, Monastyrskyy B, Kryshchak A, Venclovas Č.
Bioinformatics. 2019 Mar 15;35(6):937-944.
[doi:10.1093/bioinformatics/bty760](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty760).
[PMID:30169622](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30169622/).
10. [Modeling of protein complexes in CAPRI Round 37 using template-based approach combined with model selection](#).
Dapkūnas J, **Olechnovič K**, Venclovas Č.
Proteins. 2018 Mar;86 Suppl 1:292-301.
[doi:10.1002/prot.25378](https://doi.org/10.1002/prot.25378).
[PMID:28905467](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28905467/).
11. [VoroMQA: Assessment of protein structure quality using interatomic contact areas](#).
Olechnovič K, Venclovas Č.
Proteins. 2017 Jun;85(6):1131-1145.
[doi:10.1002/prot.25278](https://doi.org/10.1002/prot.25278).
[PMID:28263393](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28263393/).
12. [The PPI3D web server for searching, analyzing and modeling protein-protein interactions in the context of 3D structures](#).
Dapkūnas J, Timinskas A, **Olechnovič K**, Margelevičius M, Diciunas R, Venclovas Č.
Bioinformatics. 2017 Mar 15;33(6):935-937.
[doi:10.1093/bioinformatics/btw756](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btw756).
[PMID:28011769](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28011769/).
13. [The CAD-score web server: contact area-based comparison of structures and interfaces of proteins, nucleic acids and their](#)

[complexes.](#)

Olechnovič K, Venclovas Č.

Nucleic Acids Res. 2014 Jul;42(Web Server issue):W259-63.

[doi:10.1093/nar/gku294.](#)

[PMID:24838571.](#)

14. [The use of interatomic contact areas to quantify discrepancies between RNA 3D models and reference structures.](#)
Olechnovič K, Venclovas Č.
Nucleic Acids Res. 2014 May;42(9):5407-15.
[doi:10.1093/nar/gku191.](#)
[PMID:24623815.](#)
15. [Voronota: A fast and reliable tool for computing the vertices of the Voronoi diagram of atomic balls.](#)
Olechnovič K, Venclovas Č.
J Comput Chem. 2014 Mar 30;35(8):672-81.
[doi:10.1002/jcc.23538.](#)
[PMID:24523197.](#)
16. [CAD-score: a new contact area difference-based function for evaluation of protein structural models.](#)
Olechnovič K, Kulberkytė E, Venclovas Č.
Proteins. 2013 Jan;81(1):149-62.
[doi:10.1002/prot.24172.](#)
[PMID:22933340.](#)
17. [Voroprot: an interactive tool for the analysis and visualization of complex geometric features of protein structure.](#)
Olechnovič K, Margelevičius M, Venclovas Č.
Bioinformatics. 2011 Mar 1;27(5):723-4.
[doi:10.1093/bioinformatics/btq720.](#)
[PMID:21186248.](#)

Knygų skyriai

- [Contact Area-Based Structural Analysis of Proteins and Their Complexes Using CAD-Score.](#)
Olechnovič K, Venclovas Č.
In: *Zoltán Gáspári (eds) Structural Bioinformatics: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology, vol. 2112.* Springer. 2020.
- [In Silico Modeling of Inhibitor Binding to Carbonic Anhydrases.](#)
Kairys V, **Olechnovič K**, Raškevičius V, Matulis D.
In: *Matulis D. (eds) Carbonic Anhydrase as Drug Target.* Springer, Cham. 2019.

Daktaro disertacija

- [Methods for the analysis and assessment of the three-dimensional structures of proteins and nucleic acids: development and applications.](#)
Olechnovič K.
Daktaro disertacija, Vilniaus universitetas, 2017.
- [Baltymų ir nukleorūgščių erdvių struktūrų analizės ir vertinimo metodai: kūrimas ir taikymas.](#)
Olechnovič K.
Daktaro disertacijos santrauka lietuvių kalba, Vilniaus universitetas, 2017.

Kitos publikacijos

- [Kompiuteriai padeda pažinti sudėtingą baltymų pasaulį.](#)
Dapkūnas J, **Olechnovič K.**
Straipsnis mokslo populiarinimo žurnale *SPECTRUM*. 2017 1(26), ISSN 1822-0147.
- [Žurnalo viršelis pagal straipsnį "VoroMQA: Assessment of protein structure quality using interatomic contact areas".](#)
Olechnovič K, Venclovas Č.
Viršelis žurnalui *Proteins*. 2019 Volume 85, Issue 6.
[doi:10.1002/prot.25129.](#)

Pranešimai konferencijose

Žodiniai pranešimai tarptautinėse konferencijose

- AI at CIRM, Prancūzija, Marselis (2021)
- CASP14 konferencija, Virtuali (2020)
- COINS, Lietuva, Vilnius (2019), *keynote*
- CASP13 konferencija, Meksika, Riviera Maya (2018)
- VitaScientia, Lithuania, Vilnius (2018)
- CASP12 konferencija, Italija, Gaeta (2016)
- CASP10 konferencija, Italija, Gaeta (2012)

Stendiniai pranešimai tarptautinėse konferencijose

- AI at CIRM, Prancūzija, Marselis (2021)
- PDB50, Virtuali (2021)
- CASP14 konferencija, Virtuali (2020)
- ISMB, Šveicarija, Bazelis (2019)
- CASP13 konferencija, Meksika, Riviera Maya (2018)
- CASP12 konferencija, Italija, Gaeta (2016)
- ECCB, Olandija, Haga (2016)
- CASP11 konferencija, Meksika, Riviera Maya (2014)
- ECCB, Prancūzija, Strasbūras (2014)
- ISMB, Vokietija, Berlinas (2013)
- SocBiN, Lenkija, Torunė (2013)
- CASP10 konferencija, Italija, Gaeta (2012)
- ECCB, Šveicarija, Bazelis (2012)
- SAGA, Lietuva, Vilnius (2011)
- ISMB, Austrija, Viena (2011)
- ECCB, Belgija, Gentas (2010)
- VizBi, Vokietija, Heidelbergas (2010)

Nuoroda į stendinių pranešimų vaizdus: www.kliment.lt/posters

Pasiekimai ir apdovanojimai

Pasiekimai CASP and CAPRI eksperimentuose

CASP (Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction) ir CAPRI (Critical Assessment of PRedicted Interactions) yra tarptautiniai eksperimentai skirti baltymų struktūrinės bioinformatikos metodams aklaui testuoti.

2020	Prisidėjęs prie vieno iš aukščiausių rezultatų CASP-CAPRI eksperimente ir CASP14 eksperimento oligomerinių struktūrų modeliavimo kategorijoje. Grupė "Venclovas", nariai: Olechnovič K, Dapkūnas J, Venclovas Č.
2019	Prisidėjęs prie vieno iš aukščiausių rezultatų CAPRI eksperimento 38–45 etapuose. Grupė "Venclovas", nariai: Dapkūnas J, Kairys V, Olechnovič K, Venclovas Č.
2018	Prisidėjęs prie aukščiausių rezultatų CASP-CAPRI eksperimente ir CASP13 eksperimento oligomerinių struktūrų modeliavimo kategorijoje. Grupė "Venclovas", nariai: Dapkūnas J, Olechnovič K, Venclovas Č.
2018	Pasiekti vieni iš aukščiausių rezultatų CASP13 eksperimento struktūrų kokybės vertinimo kategorijoje. Grupės "VoroMQA-A" ir "VoroMQA-B", nariai: Olechnovič K, Venclovas Č.
2016	Prisidėjęs prie aukščiausių rezultatų CASP-CAPRI eksperimente. Grupė "Venclovas", nariai: Dapkūnas J, Olechnovič K, Venclovas Č.
2016	Pasiekti vieni iš aukščiausių rezultatų CASP12 eksperimento monomerinių struktūrų modeliavimo kategorijoje. Grupė "VoroMQA-select", nariai: Olechnovič K, Venclovas Č.

Nacionaliniai apdovanojimai

2019	Lietuvos Mokslų Akademijos jaunųjų mokslininkų stipendija
2018	Konkurso "Geriausia daktaro disertacija Lietuvoje 2017 metais" laurėatas
2015	Lietuvos Mokslų Akademijos apdovanojimas už geriausius jaunųjų mokslininkų darbus 2014 metais
2013–2014	Lietuvos Mokslo Tarybos stipendiją doktorantams už aktyvią mokslinę veiklą
2013	INFOBALT skatinamoji stipendija jauniems mokslininkams

Konferencijų apdovanojimai

2019	Konkurso "ISCB Art in Science" nugalėtojas konferencijoje "ISMB/ECCB 2019". Kūrinio pavadinimas:
-------------	--

"Disassembled tessellation".

- 2016** Geriausias stendinis pranešimas konferencijoje "12th Community Wide Experiment on the Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction (CASP12 meeting)". Pranešimo pavadinimas: *VoroMQA: assessment of protein structure quality using interatomic contact areas derived from the Voronoi tessellation of atomic balls.*
- 2013** Geriausias stendinis pranešimas konferencijoje "Society for Bioinformatics in Northern European countries (SocBiN)". Pranešimo pavadinimas: *The use of interatomic contact areas for the assessment of RNA 3D structural models.*
- 2012** Geriausias stendinis pranešimas konferencijoje "EMBO Conference on Critical Assessment of Protein Structure Prediction (CASP10 meeting)". Pranešimo pavadinimas: *CAD-score: a new method for the evaluation of protein structural models.*

Kiti pasiekimai

- 2018** Lietuvos dziudo imtynių čempionas, dziudo juodas diržas.
- 2018** Lietuvos sambo imtynių čempionas.