

Резюме д.ф.-м.н. М.А.Ройтберга

Ройтберг Михаил Абрамович, родился 27 декабря 1952 г. в г. Киеве (Украина, б. СССР).

Адрес в настоящее время: 142290, Пущино Моск.обл., м-н. «Д», д.5, кв.80.

ОБРАЗОВАНИЕ

В 1974 г. закончил с отличием механико-математический факультет МГУ (специальность математика).

В 1986 г. защитил диссертацию на соискание ученой степени кандидата физико-математических наук по специальности 01.01.09 «теоретическая кибернетика» на тему «Схемы алгоритмов и программ». Защита состоялась в Ученом Совете в Вычислительном центре АН СССР.

В 2009 г. защитил диссертацию на соискание ученой степени доктора физико-математических наук по специальности 03.00.28 «биоинформатика» на тему «Алгоритмы сравнительного анализа первичных структур биополимеров». Защита состоялась в Ученом Совете в Институте проблем передачи информации РАН.

ПРОФЕССИОНАЛЬНАЯ ДЕЯТЕЛЬНОСТЬ

С момента окончания механико-математического факультета Московского Государственного Университета им. М.В.Ломоносова по настоящее время основным местом работы М.А.Ройтберга является Институт математических проблем биологии РАН (до 1991 г. – Научно-исследовательский вычислительный центр АН СССР). Последние занимаемые должности:

1992-2006 – руководитель рабочей группы «Вычислительная молекулярная биология»

2007 – настоящее время – заведующий лабораторией прикладной математики.

В 2001 – 2003 совмещал работу в ИМПБ РАН с работой во вновь образованной компании Algodign LLC (Москва), которая разрабатывала новые подходы к компьютерным методам разработки лекарств. В Algodign LLC М.А.Ройтбергом была создана и возглавлена лаборатория биоинформатики (одна из четырех лабораторий компании), лаборатория продолжала успешно работать и после прекращения работы М.А.Ройтберга в Algodign LLC.

М.А.Ройтберг тесно сотрудничает с рядом ведущих зарубежных центров и провел значительное время, работая за рубежом. Среди таких научных контактов отметим следующие:

Технологический институт штата Джорджия, биологический факультет (Georgia Institute of Technology, School of Biology, Atlanta, GA, USA): 1994, ноябрь-декабрь; 2005, июнь-июль.

Университет Южной Калифорнии, математический факультет (University of Southern California, Department of Mathematics, Los Angeles, CA, USA): 1996, март-май, октябрь-ноябрь; 1997, март-май.

Университет Ратгерс – государственный университет штата Нью-Джерси, математический факультет (Rutgers University, Department of Mathematics, New Brunswick, NJ, USA): 1998, октябрь –декабрь; 1999, май-июнь, ноябрь-декабрь.

Национальный центр биотехнологической информации США (National Center of Biotechnology Information, Bethesda, MD, USA): 2000, октябрь-декабрь, 2004, январь – март.

Лотарингская лаборатория исследований в области информатики и ее приложений (LORIA, Laboratoire Lorrain de Recherche en Informatique et ses Applications, Nancy, France): 2003, ноябрь-декабрь; 2004, май-июль; 2005, сентябрь-ноябрь.

Университет г. Лилль, лаборатория фундаментальных исследований в области информатики (Laboratoire d'Informatique Fondamentale de Lille, Université Lille1 - Sciences et Technologies): 2006, ноябрь-декабрь.

Национальный институт исследований в области информатики и информатики, лаборатория в г. Роканкур (Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, Roquencourt, France): 2007, ноябрь-декабрь.

ПРЕПОДАВАНИЕ В ВУЗАХ

1997 – настоящее время – Пушинский государственный университет, учебный центр математической биологии, доцент

2000-2001 гг –Московский физико-технический институт, факультет молекулярной биофизики, участие в чтении курса «Биоинформатика», научное руководство выполнением диссертаций.

2008 – настоящее время –Школа анализа данных Яндекс (магистерская программа), преподаватель

2009 – настоящее время – НИУ Высшая школа экономики, факультет бизнес-информатики, Отделение прикладной математики и информатики, Кафедра анализа данных и искусственного интеллекта, доцент.

ПРЕПОДАВАНИЕ ДЛЯ УЧЕНИКОВ СРЕДНЕЙ ШКОЛЫ

1993– Российско-американская летняя школа (проект «Трио»),
директор.

1994 – 1997 – Российско-американский проект «Наша роль в мире»,
со-руководитель (совместно с Prof. Ernie Anderson, Amherst University,
MA, USA).

1994-1999 – Проект поддержки обучения в классах выравнивания в
Пушкинской средней школе №3, руководитель.

1996 – Летняя школа для детей, испытывающими трудности в
обучении (Нытвенский р-н Пермской обл), преподаватель
математики.

1997 – 2008 гг. – лектор Красноярской летней школы.

2005 г. – летний образовательный лагерь для детей Костромской обл,
директор

2001 г. – настоящее время – руководитель проекта «Зимняя Пушкинская
школа»

2010 – настоящее время – преподаватель школы «Алгоритмы и
комбинаторика»

ОБЛАСТИ НАУЧНЫХ ИНТЕРЕСОВ

Теоретическая и прикладная теория алгоритмов. Разработка программных
систем. Педагогика.

ГРАНТЫ, ПРЕМИИ

М.А.Ройтберг был руководителем и участником успешно выполненных
проектов, поддержанных различными отечественными и международными
грантами:

Гранты РФФИ, руководитель:

94-04-12330-а Теоретический анализ и предсказание структуры белок-
кодирующих областей в ДНК высших эукариот. 1994 -1996

97-04-49040-а Теоретическое исследование участков последовательностей ДНК, связанных с экспрессией генов . 1997 -1999

00-04-48246-а Сравнительный анализ первичных структур белков и нуклеиновых кислот. 2000 - 2002

02-07-90412-в ИВТР для поиска в специализированных базах данных белков, сходных с исследуемым белком или группой белков, для предсказания вторичной и третичной структуры этого белка и построения профиля группы белков, общедоступный по Интернету через WWW- интерфейс. 2002 -2003

03-04-49369-а Сравнительный анализ первичных структур белков и нуклеиновых кислот. 2003 - 2005

06-04-49249-а Алгоритмы и программы анализа первичных структур биополимеров: применение к задачам геномики и протеомики. 2006 -2008.

08-01-92496-НЦНИЛ_а Алгоритмы сравнительного анализа последовательностей биополимеров: последовательности и структуры 2008 - 2010

09-04-01053-а Достоверность и полнота результатов при компьютерном анализе последовательностей биополимеров 2009 -2011

Гранты РФФИ, исполнитель:

93-01-01075-а Идемпотентный анализ и его приложения 1993 – 1995.

99-04-48347-а Теоретический анализ и распознавание регуляторных сигналов в бактериальных геномах 1999 - 2001

00-07-90037-в ИВТР для определения неизвестной трехмерной структуры молекулы белка по его аминокислотной последовательности с реализацией новых итеративных профильных методов и методов множественного выравнивания, включающий расширенную базу данных профилей белков, доступный по WWW. 2000 – 2001.

01-01-00287-а Непараметрическая проверка гипотез с гарантийным решающим правилом и ее применения 2001 - 2003

02-04-49111-а Разработка математических методов и программных инструментов анализа регулярности расположения сайтов связывания транскрипционных факторов в регуляторных элементах про- и эукариот. 2002 - 2003

Международные гранты, соруководитель

INTAS (2006-2009) «Comparative genomics of bacteria: functional annotation, metabolic reconstruction, evolution of metabolic pathways and regulatory systems» Project Number 2005-1000008-8028

ECO-NET, Франция-Польша-Россия (2005-2006).

NWO (2001 – 2004) “Protein polymer threading by self-consistent field methods”
(The Netherlands – Russia)

INTAS (2000-2002) “Methods algorithms and software for functional and structural annotation of complete genomes”. Project Number 99-01476.

Merck Genome Research Institute (2000-2001), Project Number 244

International Scientific Foundation (G.Soros Foundation), 1993-1994

М.А.Ройтберг является лауреатом премии им. А.А.Баева Российской программы «Геном человека» (1997 г)

ОРГАНИЗАЦИЯ КОНФЕРЕНЦИЙ, УЧАСТИЕ В ВЫПУСКЕ ЖУРНАЛОВ

М.А.Ройтберг являлся председателем организационного комитета международных конференций «Алгоритмы в биоинформатике» (2006, 2008 гг), алгоритмических секций Московской международной конференции по вычислительной молекулярной биологии (МССМВ-07, МССМВ-09) и круглого стола по проблемам образования на МССМВ-07

М.А.Ройтберг являлся членом программного комитета международных конференций МССМВ-03, МССМВ-05, МССМВ-07, МССМВ-09, МССМВ-11, российско-французского семинара "Сложность в алгоритмических задачах, динамических системах и биоинформатике" (2010 г), международных конференций Workshop on algorithms in bioinformatics (WABI): WABI-2006 (Zurich, Switzerland), WABI-2007 (Bergen, Norway), WABI-2009 (Philadelphia, USA), European conference on computational biology (ECCB-2006, Tel-Aviv, Israel), International Conference on Bioscience and Bioinformatics (ICBB): ICBB'10 (Athens, Greece), ICBB'11 (Montreux, Switzerland), членом группы рецензентов конференций WABI-2001 и WABI-2004.

М.А. Ройтберг является членом Наблюдательного Совета проекта RECESS – Regulation and Evolution of Cellular Systems (Германия – Россия), членом редакционной коллегии международного журнала BMC Algorithms for Molecular Biology, рецензентом журналов BMC Bioinformatics, Bioinformatics, Биофизика, Молекулярная биология и др.

ПУБЛИКАЦИИ (исключая тезисы конференции, результаты которых были позднее опубликованы в виде статей)

1. А.Г.Кушниренко, А. Г. Леонов, В.В. Яковлев, М.А.Ройтберг. ПиктоМир: опыт использования и новые платформы // Шестая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе» Переславль, 30–31 января 2011 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2011. С. 14-15

2. А.Г.Кушниренко, А. Г. Леонов, М.А. Ройтберг, Д.В.Хачко, В.В.Яковлев. Новые возможности системы КуМир. // Шестая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе» Переславль, 30–31 января 2011 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2011. С. 16-18
3. Д.В.Хачко, Д.П.Кириенко, А. Г.Кушниренко, А.Г.Леонов, М.А.Ройтберг. Поддержка курсов в системе КуМир. // Шестая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе» Переславль, 30–31 января 2011 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2011. С. 19-20
4. А. Г.Кушниренко, А. Г. Леонов, М.А. Ройтберг. Принципы выбора языков и сред программирования при проведении ЕГЭ по информатике и ИКТ в компьютеризированной форме // Шестая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе» Переславль, 30–31 января 2011 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2011. С. 24-26
5. В. В. Яковлев, М. А. Ройтберг. Увеличение точности глобального выравнивания аминокислотных последовательностей с помощью построения набора выравниваний-кандидатов // Биофизика. - 2010. - Т. 55, N 6. - С. 965-975
6. Galzitskaya O., Bogatyreva N., Furletova E., Lobanov M., Roytberg M.A. Library of disordered patterns in 3D protein structures // PLoS Computational Biology, 2010. № 6(10). С. 1—10
7. Ройтберг М.А., Хачко В.И., Яковлев В.В., Хачко Д.В., Кушниренко А.Г., Леонов А.Г., Тарасова В.В. Новые Миры в системе КуМир // Пятая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе». Переславль, 30–31 января 2010 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2010. С. 56—58
8. Ройтберг М.А., Леонов А.Г., Кушниренко А.Г., Яковлев В.В. ПиктоМир программирование для дошкольников // Пятая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе». Переславль, 30–31 января 2010 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2010. С. 52—55
9. Зайдельман Я.Н., Ройтберг М.А., Леонов А.Г., Святушенко Е.В., Субоч Н.М., Карпов А.В., Кушниренко А.Г., Хачко Д.В., Яковлев В.В. Система КуМир-новые возможности // Пятая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе» Переславль, 30–31 января 2010 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2010. С. 50—51
10. Ройтберг М.А. Вычисление вероятностей семейств биологических последовательностей // Биофизика. 2009. Т.54. № 5. С. 791-797 (англ. перевод:

- M. A. Roytberg Computation of the Probabilities of Families of Biological Sequences // *Biophysics*. Vol. 54, No. 5, 2009 p. 569 – 573)
11. Roytberg, M., Gambin, A., Noé, L., Lasota, S., Furletova, E., Szczurek, E., Kucherov, G. On subset seeds for protein alignment // *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*. 2009. V. 6. N 3. P. 483-494.
 12. Regnier, M., Kirakosyan, Z., Furletova E. and Roytberg, M. A Word Counting Graph // *London Algorithmics 2008: Theory and Practice*. / Eds. Chan, J., Daykin, J.W. and Rahman M.S. London: College Publications. 2009. P. 10-43.
 13. М.А.Ройтберг. Попробуй – реши, или Любите ли вы математику, как я люблю её я // *Математика (1-е сентября) 2009, №9*. С. 27-31.
 14. М.А.Ройтберг. Игра в полосу // *Полином*. -2009. №1. – С. 37-46.
 15. Furletova E., Regnier M. Roytberg M. An Average number of suffix-prefixes // *Proceedings of 4-th Moscow Conference on Computational Molecular Biology (MCCMB'09) July 20–23, 2009*, pp.313-314.
 16. Ivankov D.N. Roytberg M.A. Comparison of structure based and covariance-based secondary structures of 23S RNA // *Proceedings of 4-th Moscow Conference on Computational Molecular Biology (MCCMB'09) July 20–23, 2009*, pp.316-316.
 17. T.V.Astahova, N.S.Bogatyreva, M.A.Roytberg. Search for new genes of *D.virilis* and *D.mojavensis* // *Proceedings of 4-th Moscow Conference on Computational Molecular Biology (MCCMB'09) July 20–23, 2009*
 18. А. Г.Кушниренко, А. Г. Леонов, А.В.Карпов, М.А. Ройтберг, Н.М. Субоч, Д.В.Хачко, В.В. Яковлев. КуМир вернулся: обучение основам программирования с помощью системы КуМир. // Четвертая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе» Переславль, 30 января – 1 февраля 2009 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2009. С. 15 -17
 19. В.В. Яковлев, Н.М. Субоч, М.А. Ройтберг, А. Г.Кушниренко. Синтаксический разбор программ, содержащих ошибки. // Четвертая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе» Переславль, 30 января – 1 февраля 2009 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2009. С. 49 - 51
 20. Н.М. Субоч, А.В.Карпов, Е.А. Святушенко, М.А. Ройтберг. Методы тестирования в разработке системы обучения программированию КуМир. // Четвертая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе» Переславль, 30 января – 1 февраля 2009 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2009. С. 52 - 55

21. Polyanovsky V.O., Roytberg M.A., Tumanyan V.G. Reconstruction of genuine pair-wise sequence alignment // J. Comput. Biol. 2008. V. 15. N 4. P. 379-391.
22. Поляновский, В.О., Ройтберг, М.А., Туманян, В.Г. Новый подход к оценке достоверности выявления вставок-делеций в парном выравнивании // Биофизика. 2008. Т. 53, №4. С.533-537.
23. Корзинов О.М., Астахова Т.В., Власов П.К., Ройтберг М.А. Статистический анализ участков ДНК в окрестности сайтов сплайсинга // Молекулярная биология. 2008. Т. 42. № 1: С. 150-162
24. Ройтберг М.А. О математических проектах в Красноярской Летней Школе. // Математика (1-е сентября) 2008, №13. С. 25-38.
25. Ройтберг М. Пойди туда — не знаю куда, принеси то — не знаю что // Математика (1-е сентября) 2008, №24.
26. М.А. Ройтберг, В.В. Яковлев. Конвертор КУМИР – С++: поддержка перехода от учебных к профессиональным системам программирования // Четвертая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе» Переславль, 30 января – 1 февраля 2009 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2009. С. 42 - 44
27. А. Г.Кушниренко, А. Г. Леонов, М.А. Ройтберг, Д.В.Хачко, В.В. Яковлев, А.В.Карпов, Н.М. Субоч. Система программирования КУМИР □ интегрированная поддержка начальных курсов информатики и программирования // Четвертая конференция “Свободное программное обеспечение в высшей школе» Переславль, 30 января – 1 февраля 2009 года. Тезисы докладов. Москва, Институт логики, 2009. С. 45 -47
28. Backofen R, Chen S, Hermelin D, Landau GM, Roytberg MA, Weimann O, Zhang K. Locality and gaps in RNA comparison // J Comput Biol. 2007. Vol. 14. N 8. P.1074-1087.
29. Asthana S., Roytberg M., Stamatoyannopoulos J., Sunyaev S. Analysis of sequence conservation at nucleotide resolution // PLoS Comput Biol. 2007. V. 3, N 12. P. 254.
30. Bovea V, Clement J, Regnier M, Roytberg MA, Makeev VJ. Exact p-value calculation for heterotypic clusters of regulatory motifs and its application in computational annotation of cis-regulatory modules // Algorithms Mol Biol. 2007. Vol. 2. P.13-27
31. Ройтберг М. Исследования математических миров. Вступление к циклу лекций для корейских учителей начальной школы, прочитанного в школе «Интеллектуал» в августе 2007 г.
<http://www.etudes.ru/ru/forums/topic.php?id=2348>

32. Kucherov G., Noé L., and Roytberg M. A unifying framework for seed sensitivity and its application to subset seeds // *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*. 2006. Vol. 4, N. 2. P. 553–570
33. Astakhova T.V., Petrova S.V., Tsitovich I.I., Roytberg M.A. Recognition of coding regions in genome alignment // *Bioinformatics of Genome Regulation and Structure II*. / Eds. N.Kolchanov and R. Hofstaedt. NY: Springer Science+Business Media. 2006. P. 3-10.
34. Ogurtsov, A.Yu, Shabalina, S.A., Kondrashov, A.S., Roytberg M.A. Analysis of internal loops within the RNA secondary structure in almost quadratic time // *Bioinformatics*. 2006, Vol. 22, No. 11, P. 1317-1324
35. Литвинов И.И., Лобанов М.Ю., Миронов А.А., Финкельштейн А.В., Ройтберг М.А. Информация о вторичной структуре белка улучшает качество выравнивания // *Молекулярная биология*. 2006. Т. 40, № 3. С. 533-540.
36. Kucherov, G., Noé, L. Roytberg, M. Multi-seed lossless filtration. // *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*. 2005. Vol. 2, N. 1, P. 51-61.
37. Sunyaev S.R., Bogopolsky G.A., Oleynikova N.V., Vlasov P.K., Finkelstein A.V., Roytberg M.A. 2004. From analysis of protein structural alignments toward a novel approach to align protein sequences // *Proteins*. 2004. Vol. 54, P.569–582.
38. М.А.Ройтберг. Сравнительный анализ первичных структур нуклеиновых кислот и белков // *Молекулярная биология*. 2004. Т. 38, № 1. С. 92-103.
39. Roytberg, M.A., Ogurtsov A.Y., Shabalina S.A., Kondrashov A.S. A hierarchical approach to aligning collinear regions of genomes // *Bioinformatics*. 2002. Vol. 18. P.1673–1680.
40. Ogurtsov A.Y., Roytberg M.A., Shabalina S.A. and Kondrashov A.S. OWEN: aligning long collinear regions of genomes // *Bioinformatics*. 2002. Vol. 18. P. 1703-1704.
41. Ramensky V.E., Makeev V.Y., Roytberg M.A., Tumanyan V.G. Segmentation of long genomic sequences into domains with homogeneous composition with BASIO software // *Bioinformatics*. 2001. Vol.17, N.11. P. 1065-1066.
42. Kister A.E, Roytberg M.A, Chothia C., Gelfand I.M. The sequence determinants of cadherin molecules // *Protein Science*. 2001. Vol. 10. P. 1801-1810.
43. Ramensky V.E., Makeev V.Ju., Roytberg M.A., Tumanyan V.G. DNA segmentation through the Bayesian approach // *J Comput Biol*. 2000. Vol.7, N.1-2. P. 215-231.

44. Mironov AA, Koonin EV, Roytberg MA, Gelfand MS. Computer analysis of transcription regulatory patterns in completely sequenced bacterial genomes // *Nucleic Acids Res.* 1999. Vol.15, N.27. P. 2981-2989.
45. M.A.Roytberg, T.V.Astakhova, M.S.Gelfand. Combinatorial approaches to gene recognition // *Computers and Chemistry.* 1998). Vol. 1, P. 229-236.
46. Sze S.H, Roytberg M.A., Gelfand M.S., Mironov A.A., Astakhova T.V., Pevzner P.A. Algorithms and software for support of gene identification experiments // *Bioinformatics.* 1998. Vol.1, N. 14. P. 14-19.
47. Mironov A.A., Roytberg M.A. Pevzner P.A., Gelfand M.S. Performance guarantee gene predictions via spliced alignment // *Genomics.* 1998. Vol. 51, P. 332-339.
48. Ройтберг М.А., Симеоненков М.Н., Таболина О.Ю. Парето-оптимальные выравнивания символьных последовательностей // *Биофизика.* 1998. Т. 44, №4. С. 581-594.
49. Ройтберг М.А., Астахова Т.В., Гельфанд М.С. Алгоритм высокоспецифичного распознавания белок-кодирующих областей в последовательностях высших эукариот // *Молекулярная биология.* 1997. Т. 31, № 1. С. 25-31.
50. Gelfand M.S., Podolsky L.I., Astakhova T.V., Roytberg M.A. Recognition of genes in human DNA sequences // *Journal of Computational Biology.* 1996. Vol. 3, N. 2. P. 223-234.
51. Nazipova N.N., Shabalina S.A., Ogurtsov A.Yu., Kondrashov A.S., Roytberg M.A., Buryakov G.V., Vernoslov S.E. SAMSON: a software package for the biopolymer primary structure analyses // *Comput. Appl. Biosci.* 1995. Vol. 11. P. 423-426.
52. Gelfand M.S., Podolsky L.I., Astakhova T.V. and Roytberg M.A. Prediction of the exon-intron structure and multicriterial optimization. // *Bioinformatics and Genome Research / Eds. H.A.Lim, C.R.Cantor.* Singapore: World Scientific Publ. Co. 1995. P. 173-183.
53. Finkelstein, A.V. and Roytberg, M.A. Computation of biopolymers: a general approach to different problems // *BioSystems.* 1993. Vol.30. P.1-19.
54. Gelfand M.S., Roytberg M.A. A dynamic programming algorithm for prediction of the exon-intron structure // *BioSystems.* 1993. Vol.30, P.173-182.
55. Roytberg M.A. A Search for Common Patterns in many Sequences // *Comput. Appl. Biosci.* 1992. Vol. 8, N 1. P. 57 – 64.
56. Roytberg M.A. Fast algorithm for optimal aligning of symbol sequences // In: *Mathematical methods of the analysis of biopolymer sequences.* AMS, Providence. 1992. P. 103-117.
57. Beridze T., Tsirekidze N., Roytberg M.A. On the tertiary structure of satellite DNA

- // Biochimie. 1992. Vol.74, N.1. P. 187-194.
58. Roytberg M.A. Similarity Search in Biological Sequences. // Modelling and Computer Methods in Molecular Biology and Genetics / Eds. V.A.Ratner and N.A. Kolchanov. NY: Nova Science Publishers, Inc. 1992. P. 81-86.
 59. Gelfand M.S., Roytberg M.A. Prediction of the exon-intron structure by a dynamic programming approach // Biotechnology Software. 1992. P. 13-18.
 60. Финкельштейн А.В., Ройтберг М.А. Математические методы исследования первичных структур биополимеров. Пространственное строение биополимеров и их первичная структура. Препринт. -Пушино: ОНТИ НЦБИ АН СССР, 31с. 1985.
 61. Ройтберг М.А. Сложность распознавания симметрии на машинах Тьюринга с плоской линзой. Препринт. -Пушино: ОНТИ НЦБИ АН СССР, 17с. 1984.
 62. Ройтберг М.А. Алгоритм определения гомологии первичных структур. Препринт. -Пушино: ОНТИ НЦБИ АН СССР, 25с. 1984.
 63. Левитин В.В., Ройтберг М.А. Глобальное распределение регистров при генерации объектного кода. Препринт. -Пушино: ОНТИ НЦБИ АН СССР, 21с. 1983.
 64. Ройтберг М.А. Схемы Янова над магазинной памятью и семейство деревьев. В кн. : Автоматы. Алгоритмы. Языки. Изд-во Калининского университета, 1982. С. 103-106.
 65. Громов Г.Р., Ройтберг М.А., Фирсова Н.Г., Шкадов В.Я. "ДИАНЭД-4" - инструмент для создания диалоговых систем. Материалы по математическому обеспечению ЭВМ, серия ФОРТРАН -Пушино: ОНТИ НЦБИ АН СССР, 38с. 1981.
 66. Ройтберг М.А. Сложность различения регулярных выражений в системах алгоритмических алгебр. In: Proceeding of the 3-d Hungarian Computer Science Conference. -Budapest, 1981. С. 247-261.
 67. Громов Г.Р., Ройтберг М.А. Опыт разработки диалоговой программной системы для мини-ЭВМ СМ-3, СМ-4. В сб. трудов советско-финского симпозиума "Интерактивные системы". -Тбилиси, 1979 г. С. 77-83
 68. Громов Г.Р., Ройтберг М.А. ДИАНЭД - система диалогового анализа экспериментальных данных. 2. Инструкции по написанию прикладных программ. Материалы по математическому обеспечению ЭВМ, серия мини-ЭВМ -Пушино: ОНТИ НЦБИ АН СССР, 32с. 1978.
 69. Коваленко В.Н., Королев В.А., Тимофеева О.В., Мальцев В.А., Ройтберг М.А., Шноль Э.Э (1978) Автоматизированная информационно-справочная система контроля исполнения СКИ-77. Материалы по математическому

- обеспечению ЭВМ, серия ЕС-ЭВМ -Пушино: ОНТИ НЦБИ АН СССР, 25с. 1978.
- 70.Ройтберг М.А. Схемы автоматов и реализуемые ими отображения. Автоматика и телемеханика, 1978. №4: 151-160
- 71.Roytberg M.A. On the finite automata schemata with many feadbacks. Fundamentals of computation theory (Proceedings of International Conference, Poznan-Kórnik, 1977), pp. 166-170. LNCS, v. 56. Springer, 1977.
- 72.Бесекерский В.А., Дедус Ф.Ф., Ройтберг М.А Сжатие информации и идентификация на основе ортогональных разложений. Труды Ленинградского института авиационного приборостроения. –Ленинград, 1977.
- 73.Громов Г.Р., Ройтберг М.А ДИАНЭД - система диалогового анализа экспериментальных данных. 1. Структура системы и принципы функционирования. Материалы по математическому обеспечению ЭВМ, серия мини-ЭВМ -Пушино: ОНТИ НЦБИ АН СССР, 42с. 1977.
- 74.Ройтберг М.А Эквивалентность схем с одной обратной связью. Проблемы передачи информации, 1977. т.13 (2): 83-89