



## Záverečná karta projektu

Názov projektu

Evidenčné číslo projektu **APVV-0123-10**

**Molekulárna architektúra, dynamika a evolúcia chromozómov v mitochondriách kvasiniek**

Zodpovedný riešiteľ **prof. RNDr. Jozef Nosek, DrSc.**

Príjemca **Univerzita Komenského v Bratislave, Prírodovedecká fakulta**

### Názov pracoviska, na ktorom bol projekt riešený

1. Katedra biochémie, Prírodovedecká fakulta UK
2. Katedra genetiky, Prírodovedecká fakulta UK
3. Oddelenie biochémie a štruktúrnej biológie, Ústav molekulárnej biológie SAV
4. Oddelenie biochémie membrán, Ústav biochémie a genetiky živočíchov SAV
- 5.

### Názov a štát zahraničného pracoviska, ktoré spolupracovalo pri riešení

1. Centre for Genomic Regulation, Barcelona, Španielsko
2. Department of Biology, Yamaguchi University, Yamaguchi, Japonsko
3. Département de Biochimie, Université de Montréal, Montréal, Kanada

### Udelené patenty/podané patentové prihlášky, vynálezy alebo úžitkové vzory, ktoré sú výsledkami projektu

1. neboli
2. -
3. -

### Najvýznamnejšie publikácie (knihy, články, prednášky, správy a pod.) zhrňujúce výsledky projektu – uveďte aj publikácie prijaté do tlače

1. Ambro, L., Pevala, V., Bauer, J., Kutejová, E. (2012) The influence of ATP-dependent proteases on a variety of nucleoid-associated processes. *Journal of Structural Biology* 179: 181-192. [IF2013=3.369]
2. Bakkaiová, J., Arata, K., Matsunobu, M., Ono, B., Aoki, T., Lajdová, D., Neboháčová, M., Nosek, J., Miyakawa, I., and Tomáška, L. (2014) A strictly aerobic yeast *Yarrowia lipolytica* tolerates a loss of a mitochondrial DNA-packaging protein. *Eukaryotic Cell* 13(9): 1143-1157. [IF2013=3.179]
3. Gerhold, J.M., Sedman, T., Višacká, K., Slezáková, J., Tomáška, L., Nosek, J., and Sedman, J. (2014) Replication intermediates of the linear mitochondrial DNA of *Candida*

parapsilosis suggest a common recombination based mechanism for yeast mitochondria. *Journal of Biological Chemistry* 289(33): 22659-22670. [IF2012=4.600]

4. Lang, B.F., Jakúbková, M., Hegedúsová, E., Daoud, R., Forget, L., Brejová, B., Vinař, T., Kosa, P., Fričová, D., Neboháčová, M., Griač, P., Tomáška, Ľ., Burger, G., and Nosek, J. (2014) Massive programmed translational jumping in mitochondria. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 111(16): 5926-5931. [IF2013=9.809]

5. Valach, M., Pryszcz, L.P., Tomáška, Ľ., Gacser, A., Gabaldón, T., and Nosek, J. (2012) Mitochondrial genome variability within the *Candida parapsilosis* species complex. *Mitochondrion* 12(5): 514-519. [IF2013=3.524]

### **Uplatnenie výsledkov projektu**

Riešený projekt mal charakter základného výskumu. Dosiahnuté výsledky nájdú uplatnenie v biomedicínskych vedách, špecificky v oblasti replikácie a expresie mitochondriálneho genómu a biogenézy mitochondrií. Získané sekvencie mitochondriálnych genómov môžu byť využité pri dizajne molekulárnych markerov pre klinickú diagnostiku patogénnych druhov kvasiniek. Riešenie projektu tiež prispelo k odbornej príprave viacerých mladých vedeckých pracovníkov, študentov magisterského a doktorandského stupňa štúdia v programoch biochémie, genetiky a molekulárnej biológie.

### **CHARAKTERISTIKA VÝSLEDKOV**

#### **Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu v slovenskom jazyku** (max. 20 riadkov)

Projekt bol zameraný na skúmanie molekulárnej architektúry, dynamiky a evolúcie mitochondriálnych chromozómov metódami komparatívnej a funkčnej genomiky. Nekonvenčné druhy kvasiniek líšiace sa molekulárnou architektúrou a mechanizmami udržiavania stability mitochondriálneho genómu boli využité ako modelový systém. V projekte boli stanovené kompletne sekvencie mitochondriálnych genómov viac ako 40 druhov kvasiniek. Výsledky prispeli k poznaniu molekulárnej diverzity mitochondriálnych genómov, charakterizácii mitochondriálnych nukleoidov a mitochondriálnych DNA-viažúcich proteínov. K najvýznamnejším výsledkom patrí objav a charakterizácia (i) niekoľkých rodín mobilných genetických elementov prítomných v mitochondriálnom genóme patogénnej kvasinky *Magnusiomyces capitatus* (tieto sekvencie sú zahrnuté v procese programovaného translačného bypassing-u, a preto boli nazvané byp (bypassing) elementy); (ii) nových lineárnych a multipartitných genómov v mitochondriách kvasiniek; (iii) proteínu Mhb1 z kvasinky *Yarrowia lipolytica*, ktorý patrí do rodiny mitochondriálnych proteínov s HMG-boxom; (iv) proteínu Mgm101 z patogénnej kvasinky *Candida parapsilosis*, ktorý má úlohu v dynamike mitochondriálnych telomér; ako aj (v) vypracovanie matematického modelu popisujúceho dynamiku mitochondriálnych telomér. Projekt tiež významnou mierou prispel k výchove viacerých pregraduálnych študentov a doktorandov, ktorí sa priamo podielali na riešení úloh projektu.

#### **Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu v anglickom jazyku** (max. 20 riadkov)

The project was aimed at investigation of molecular architecture, dynamics and evolution of mitochondrial chromosomes by means of comparative and functional genomics. Non-conventional yeast species differing in the molecular architecture and maintenance of mitochondrial genome were used as a model system and the complete mitochondrial genome sequences of more than 40 yeast species were determined in this project. The project results contributed to understanding of mitochondrial genome diversity, characterisation of mitochondrial nucleoids and mitochondrial DNA-binding proteins. The most important outcomes of the project include the discovery and characterization of (i) several families of mobile genetic elements in the mitochondrial genome of the pathogenic yeast *Magnusiomyces capitatus* (these sequences are involved in the process of programmed

translational bypassing and therefore were named byp (bypassing) elements); (ii) new linear and multipartite genomes in yeast mitochondria; (iii) Mhb1 protein from the yeast *Yarrowia lipolytica*, which belongs to the family of mitochondrial HMG-box containing protein; (iv) Mgm101 protein from the pathogenic yeast *Candida parapsilosis*, which has a role in the dynamics of mitochondrial telomeres; as well as (v) the development of a mathematical model describing the mitochondrial telomere dynamics. The project also significantly contributed to training of several undergraduate and Ph.D. students.

Svojím podpisom potvrdzujem, že údaje uvedené v záverečnej karte sú pravdivé a úplné a súhlasím s ich zverejnením.

**Zodpovedný riešiteľ**

Prof. RNDr. Jozef Nosek, DrSc.

V Bratislave 21. 11. 2014

**Štatutárny zástupca príjemcu**

Prof. RNDr. Karol Mičieta, CSc.

V Bratislave 21. 11. 2014

.....  
podpis zodpovedného riešiteľa

.....  
podpis štatutárneho zástupcu príjemcu