

Záverečná karta projektu

Názov projektu Evidenčné číslo projektu **APVV-14-0253****Komparatívna a funkčná analýza genómov nekonvenčných druhov kvasiniek**Zodpovedný riešiteľ **prof., RNDr. Jozef Nosek, DrSc.**Príjemca **Univerzita Komenského v Bratislave**

Názov pracoviska, na ktorom bol projekt riešený

Katedra biochémie, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Komenského v Bratislave

Katedra genetiky, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Komenského v Bratislave

Katedra informatiky, Fakulta matematiky, fyziky a informatiky, Univerzita Komenského v Bratislave

Katedra aplikovanej informatiky, Fakulta matematiky, fyziky a informatiky, Univerzita Komenského v Bratislave

Názov a štát zahraničného pracoviska, ktoré spolupracovalo pri riešení

1. Centre for Genome Regulation, Barcelona, Španielsko
2. Department of Chemistry, University of California at Irvine, USA
3. Department of Genetics and Applied Microbiology, University of Debrecen, Maďarsko
4. Department of Integrative Biology, University of California at Berkeley, USA
5. Department of Microbiology, University of Szeged, Maďarsko
6. Department of Molecular and Human Genetics, Baylor College of Medicine, USA
7. Institut de Biochimie et Génétique Cellulaires, Université de Bordeaux, Francúzsko
8. Institute for Interdisciplinary Information Sciences, Tsinghua University, Čína
9. Institute of Ecology and Evolution, Universität Bern, Švajčiarsko
10. International Institute of Molecular and Cell Biology in Warsaw, Poľsko
11. Lineberger Comprehensive Cancer Center, University of North Carolina, USA
12. Natural History Museum of Denmark, University of Copenhagen, Dánsko
13. Robert Cedergren Centre for Bioinformatics and Genomics, Université de Montréal, Kanada
14. Ústav mikrobiologie, Lékařská fakulta, Univerzita Palackého, Olomouc, Česká republika

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

neboli

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

Publikácie v zahraničných vedeckých časopisoch:

1. Bakkaiová, J., Marini, V., Willcox, S., Nosek, J., Griffith, J.D., Krejčí, L., Tomáška, Ľ. (2016) Yeast mitochondrial HMG proteins: DNA-binding properties of the most evolutionarily divergent component of mitochondrial nucleoids. Bioscience Reports 36: e00288.
2. Boža, V., Brejová, B., Vinař, T. (2017) DeepNano: Deep recurrent neural networks for

- base calling in MinION nanopore reads. PLoS One 12: e0178751.
3. Boža, V., Jursa, J., Vinař, T., Brejová, B. (2015) Fishing in Read Collections: Memory Efficient Indexing for Sequence Assembly. In: Costas S. Iliopoulos, Simon J. Puglisi, Emine Yilmaz (eds.) String Processing and Information Retrieval (SPIRE), Lecture Notes in Computer Science, 9309: 188-198.
 4. Brejová, B., Gafurov, A., Pardubská, D., Sabo, M., Vinař, T. (2017) Isometric gene tree reconciliation revisited. Algorithms for Molecular Biology 12: 17.
 5. Brejová, B., Lichancová, H., Brázdovič, F., Hegedúsová, E., Forgáčová Jakúbková, M., Hodorová, V., Džugasová, V., Baláž, A., Zeiselová, L., Cillingová, A., Neboháčová, M., Raclavský, V., Tomáška, L., Lang, B.F., Vinař, T., Nosek, J. (2018) Genome sequence of the opportunistic human pathogen *Magnusiomyces capitatus*. Current Genetics (v tlači).
 6. Brejová, B., Lichancová, H., Brázdovič, F., Cillingová, A., Neboháčová, M., Tomáška, L., Vinař, T., Nosek, J. (2017) Draft genome sequence of an obligate psychrophilic yeast *Candida psychrophila* NRRL Y-17665T. Genome Announcements 5: e00851-17.
 7. Cillingová, A., Zeman, I., Tóth, R., Neboháčová, M., Dunčková, I., Hölcová, M., Gérecová, G., Prysycz, L., Tomáška, L., Gabaldón, T., Gácsér, A., Nosek, J. (2017) Eukaryotic transporters for hydroxyderivatives of benzoic acid. Scientific Reports 7: 8998.
 8. Červenák, F., Juríková, K., Sepšiová, R., Neboháčová, M., Nosek, J., Tomáška, L. (2017) Double-stranded telomeric DNA binding proteins: Diversity matters. Cell Cycle 16: 1568 - 1577.
 9. Hozza, M., Vinař, T., Brejová, B. (2015) How Big is That Genome? Estimating Genome Size and Coverage from k-mer Abundance Spectra. In: Iliopoulos, C.S., Puglisi, S.J., Yilmaz, E. (eds.) String Processing and Information Retrieval (SPIRE), Lecture Notes in Computer Science, 9309: 199-209.
 10. Jakúbková, M., Džugasová, V., Truban, D., Abelovská, L., Bhatia-Kiššová, I., Valachovič, M., Klobučníková, V., Zeiselová, L., Griač, P., Nosek, J., Tomáška, L. (2016) Identification of mutants exhibiting altered sensitivity to valinomycin and nigericin demonstrate pleiotropic effects of ionophores on cellular processes. PLoS One 11: e0164175.
 11. Pevala, V., Truban, D., Bauer, J.A., Košťan, J., Kunová, N., Bellová, J., Brandstetter, M., Marini, V., Krejčí, L., Tomáška, L., Nosek, J., Kutejová, E. (2016) The structure and DNA-binding properties of Mgm101 from a yeast with a linear mitochondrial genome. Nucleic Acids Research 44: 2227-2239.
 12. Rampášek, L., Jimenez, R.M., Lupták, A., Vinař T., Brejová B. (2016) RNA motif search with data-driven element ordering. BMC Bioinformatics 17: 216.
 13. Rendeková, J., Ward, T.A., Šimoničová, L., Thomas, P.H., Nosek, J., Tomáška, L., McHugh, P.J., Chovanec, M. (2016). Mgm101: A double-duty Rad52-like protein. Cell Cycle 15: 3169-3176.
 14. Sepšiová, R., Nečasová, I., Willcox, S., Procházková, K., Gorilák, P., Nosek, J., Hofr, C., Griffith, J.D., Tomáška, L. (2016) Evolution of telomeres in *Schizosaccharomyces pombe* and its possible relationship to the diversification of telomere binding proteins. PLoS One 11: e0154225.
 15. Tóth, R., Nosek, J., Mora-Montes, H.M., Gabaldón, T., Bliss, J.M., Nosanchuk, J.D., Turner, S.A., Butler, G., Vágvölgyi, C., Gácsér, A. (2019) *Candida parapsilosis*: from genes to the bedside. Clinical Microbiology Reviews (v tlači).
 16. Zeman, I., Neboháčová, M., Gérecová, G., Katonová, K., Jánošíková, E., Jakúbková, M., Centárová, I., Dunčková, I., Tomáška, L., Prysycz, L.P., Gabaldón, T., Nosek, J. (2016) Mitochondrial carriers link the catabolism of hydroxyaromatic compounds to the central metabolism in *Candida parapsilosis*. G3: Genes, Genomes, Genetics (Bethesda) 6: 4047-4058.
- Publikácie v zborníkoch:
1. Macko, M., Králik, M., Brejová, B., Vinař, T. (2016) OB-Fold Recognition Combining Sequence and Structural Motifs. ITAT 2016 Proceedings. CEUR Workshop Proceedings Vol. 1649, pp. 18-25.
 2. Lipovský, M., Vinař, T., Brejová, B. (2017) Approximate Abundance Histograms and Their Use for Genome Size Estimation. In: Hlaváčová, J. (ed.) Information Technologies - Applications and Theory (ITAT), number 1885 in CEUR-WS, pp. 27-34.
 3. Rabatin, R., Brejová, B., Vinař, T. (2017) Using Sequence Ensembles for Seeding Alignments of MinION Sequencing Data. In: J. Hlaváčová, J. (ed.) Information Technologies

- Applications and Theory (ITAT), number 1885 in CEUR-WS, pp. 48-54.

Softvér:

1. NANopore DAta Variant CAller: softvér na hľadanie jednobázových variantov na základe surových dát nanopórového sekvenovania
2. DeepNano: softvér na analýzu dát zo sekvenačnej platformy MinION
3. GAML: softvér na zostavovanie genómov z hybridných dát kombináciou dlhých a krátkych čítaní
4. CovEst: softvér na odhadovanie veľkosti genómov na základe k-merových spektier

Verejne prístupné genómové prehliadače pre:

1. Genóm kvasinky *Magnusiomyces capitatus*
2. Genóm kvasinky *Magnusiomyces ingens*
3. Genóm kvasinky *Saprochaete suaveolens*
4. Genóm kvasinky *Saprochaete fungicola*

Uplatnenie výsledkov projektu

Riešený projekt mal charakter základného výskumu. Stanovené sekvencie genómov kvasiniek, vytvorený softvér a genómové prehliadače môžu nájsť uplatnenie v biomedicínskych vedách alebo biotechnológiách. Výsledky analýzy genómov patogénnych druhov kvasiniek môžu byť využité pri dizajne molekulárnych markerov pre klinickú diagnostiku alebo pri identifikácii molekulárnych cieľov vhodných pre terapeutickú intervenciu kvasinkových infekcií. Riešenie projektu tiež prispelo k odbornej príprave mladých vedeckých pracovníkov, študentov magisterského a doktorandského stupňa štúdia v programoch biochémia, genetika a informatika.

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

Projekt bol zameraný na analýzu genómov viacerých nekonvenčných druhov kvasiniek prístupmi komparatívnej a funkčnej genomiky. K najvýznamnejším výsledkom výskumných aktivít projektu patrí (i) stanovenie sekvencií jadrových genómov kvasiniek rodu *Magnusiomyces* a jeho anamorfnej formy *Saprochaete*, vrátane viacerých klinických izolátov patogénnych druhov *M. capitatus* a *S. clavata*; (ii) komparatívna analýza mitochondriálnych genómov magnusiomycét a identifikácia bypassing (byp) elementov v proteín-kódujúcich sekvenciách kvasiniek *M. spicifer* a *S. clavata*; (iii) identifikácia a komparatívna analýza lokusov pre párovacie typy heterotalických druhov magnusiomycét; (iv) komparatívna analýza cytosolických a mitochondriálnych ribozómov magnusiomycét; (v) vytvorenie softvéru pre spracovanie dát získaných nanopórovou sekvenačnou technológiou a verejných genómových prehliadačov pre genómy magnusiomycét. Projekt tiež významnou mierou prispel k výchove viacerých pregraduálnych študentov a doktorandov, ktorí sa priamo podieľali na výskumných aktivitách projektu.

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

The project has been focused on genome analysis of several non-conventional yeast species by means of comparative and functional genomics. The most important outcomes of the project research activities include (i) the determination of nuclear genome sequences of yeasts from the genus *Magnusiomyces* and its anamorphic form *Saprochaete*, including several clinical isolates of pathogenic species *M. capitatus* and *S. clavata*; (ii) comparative analysis of magnusiomycete mitochondrial genomes and the identification of bypassing (byp) elements in protein-coding sequences of the yeasts *M. spicifer* and *S. clavata*; (iii) identification and comparative analysis of mating-type loci in heterothallic magnusiomycete species; (iv) comparative analysis of cytosolic and mitochondrial ribosomes of magnusiomycetes; (v) development of software for analyses of data obtained from nanopore sequencing technology and public genome browsers for magnusiomycete genomes. The project also significantly contributed to training of several undergraduate and Ph.D. students who were directly included in the research activities of the project.