

Formulár ZK - Záverečná karta projektu

Riešiteľ: prof. RNDr. Jozef Nosek, DrSc.	Evidenčné číslo projektu: APVV-LPP-0164-06
Názov projektu: Analýza molekulárnej architektúry a dynamiky mitochondriálnych chromozómov	

Na ktorých pracoviskách bol projekt riešený:	Katedra biochémie, Prírodovedecká fakulta Univerzity Komenského v Bratislave
	Katedra genetiky, Prírodovedecká fakulta Univerzity Komenského v Bratislave
Ktoré zahraničné pracoviská spolupracovali pri riešení (názov, štát):	Department of Microbiology, University of Szeged, Maďarsko [Dr. I.Pfeiffer]
	Department of Biochemistry, Université de Montreal, Kanada [Prof. B.F.Lang]
	Department of Physics, Biology, and Informatics, Faculty of Science, Yamaguchi University, Japonsko [Prof. I. Miyakawa]

Udelené patenty alebo podané patentové prihlášky, vynálezy alebo úžitkové vzory vychádzajúce z výsledkov projektu:	neboli
Publikácie (knihy, články, prednášky, správy a pod.) zhrňujúce výsledky projektu (uved'te i publikácie prijaté do tlače): Uvádzajte maximálne päť najvýznamnejších publikácií.	Nosek, J., Tomáška, L. (2008) Mitochondrial telomeres: An evolutionary paradigm for the emergence of telomeric structures and their replication strategies. <i>In</i> : Nosek, J., Tomáška, L. (eds) Origin and Evolution of Telomeres, Landes Bioscience, Austin, Texas. [ISBN: 978-1-58706-309-1] pp. 163-171.
	Valach, M., Tomáška, L., and Nosek, J. (2008) Preparation of yeast mitochondrial DNA for direct sequence analysis. <i>Current Genetics</i> 54 (2):105-109.
	Miyakawa, I., Okamura, A., Kinský, S., Višacká, K., Tomáška, L., Nosek, J. (2009) Mitochondrial nucleoids from the yeast <i>Candida parapsilosis</i> : Expansion of the repertoire of proteins associated with mitochondrial DNA. <i>Microbiology-SGM</i> 155 (5):1558-1568.
	Fričová, D., Valach, M., Farkas, Z., Pfeiffer, I., Kucsera, J., Tomáška, L., Nosek, J. (2010) The mitochondrial genome of the pathogenic yeast <i>Candida subhashii</i> : GC-rich linear DNA with a protein covalently attached to the 5' termini. <i>Microbiology-SGM</i> 156 (7):2153-2163.
	Valach, M., Farkas, Z., Fričová, D., Kováč, J., Brejová, B., Vinař, T., Pfeiffer, I., Kucsera, J., Tomáška, L., Lang, B.F., Nosek, J. (2010) Evolution of linear chromosomes and multipartite genomes in yeast mitochondria <i>Nucleic Acids Research</i> (zaslané).
V čom vidíte uplatnenie výsledkov projektu:	Najdôležitejšie uplatnenie výsledkov je vytvorenie edukačnej platformy pre prípravu mladej generácie vedcov (doktorandov a diplomantov) v oblasti komparatívnej a funkčnej genetiky, ktorá je jednou z najmladších a najdynamickejších oblastí moderného biomedicínskeho výskumu.

Charakteristika výsledkov

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu (max. 20 riadkov) - slovensky:

Projekt bol excelentnou edukačnou platformou pre prípravu dizertačných prác dvoch študentov doktorandského štúdia programu biochémie Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského v oblasti komparatívnej a funkčnej genomiky eukaryotických organel. V rámci projektu sa školilo ďalších 6 doktorandov a 12 diplomantov v štúdijských programoch biochémie, biotechnológie a genetiky. Okrem toho projekt priniesol viacero významných vedeckých výsledkov:

1. Najvýznamnejším vedeckým výsledkom projektu bolo stanovenie kompletných sekvencií mitochondriálnych genómov 11 druhov kvasiniek. Naše analýzy odhalili prekvapivú variabilitu molekulárnej architektúry genómu od cirkulárnych po lineárne a multipartitné formy mitochondriálneho genómu v blízko príbuzných druhoch rodu *Candida*. Komparatívna analýza získaných sekvencií DNA nám umožnila identifikovať molekulárne mechanizmy, ktoré v evolúcii viedli k vzniku lineárnych foriem chromozómov.
2. Vypracovali sme metódu izolácie a purifikácie mitochondriálnej DNA (mtDNA) kvasiniek vhodnú na priame sekvenovanie pomocou automatických analyzátorov.
3. Kombináciou biochemických, molekulárno-genetických a bioinformatických prístupov sme charakterizovali proteínové komponenty mitochondriálnych nukleoidov patogénnej kvasinky *Candida parapsilosis* a identifikovali novú rodinu proteínov zbaľujúcich mtDNA (*mtDNA-packaging proteins*).
4. Pripravili sme sériu plazmidových vektorov, ktoré umožňujú funkčnú analýzu klonovaných génov v kvasinkách *Candida parapsilosis* a *Dipodascus magnusii*.
5. Identifikovali sme kolekciu mutantov kvasinky *Saccharomyces cerevisiae*, ktoré sú rezistentné, resp. hypersenzitívne k pôsobeniu ionofóru nigericínu.

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu (max. 20 riadkov) - anglicky:

The project provided an excellent educational platform for preparation of dissertation theses of two graduate students in the biochemistry program of the Faculty of Natural Sciences, Comenius University in the field of comparative and functional genomics of eukaryotic organelles. The project allowed education of next 6 graduate and 12 undergraduate students in the programs of biochemistry, biotechnology and genetics. In addition, the project resulted in several important scientific outcomes:

1. The most important scientific outcome of the project was determination of the complete mitochondrial genome sequences of 11 yeast species. Our analyses uncovered surprising variability in molecular architecture of the genome ranging from circular to linear and multipartite linear forms in mitochondria of closely related species of the genus *Candida*. Comparative analysis of obtained DNA sequences led to identification of molecular mechanisms involved in the evolutionary emergence of linear chromosomal forms.
2. We developed a method for isolation and purification of yeast mitochondrial DNA (mtDNA) suitable for direct DNA sequencing by automatic gene analyzers.
3. By combination of biochemical, molecular-genetic and bioinformatic approaches we characterized protein components of the mitochondrial nucleoids from the pathogenic yeast *Candida parapsilosis*. Moreover, we identified new family of proteins implicated in the mtDNA-packaging (*mtDNA-packaging proteins*).
4. We constructed series of plasmid vectors suitable for functional analysis of cloned genes in the yeasts *Candida parapsilosis* and *Dipodascus magnusii*.
5. We identified a collection of *Saccharomyces cerevisiae* mutants resistant or hypersensitive to the ionophore nigericin.

Podpisom záverečnej karty riešiteľ vyjadruje svoj súhlas so zverejnením údajov v nej uvedených.

Podpis zodp. riešiteľa:

Dátum: ...14.12.2010.....

Podpis štatutárneho zástupcu:

Pečiatka: