

Genomová biologie

Anotace

Vývoj metod sekvenování DNA a exponenciálně se vršící objem genomických dat představuje jeden z hlavních impulzů rozvoje biologie v posledních dvaceti letech. Dostupnost genomových sekvencí z prudce rostoucího počtu organismů a současná možnost sekvenovat genomy a transkriptomy zájmových organismů i v laboratořích mimo velká genomová centra zcela změnila povahu biologického výzkumu. Bioinformatické analýzy genomických a transkriptomických dat umožňují bezprecedentním způsobem poznávat genový repertoár organismů a jeho evoluční historii. Zároveň představují východisko pro navazující výzkum v oblasti fungování živých systémů na úrovni jednotlivých genů, molekulárních modulů, buněk i celých organismů. Genomické přístupy jsou rovněž kritické pro moderní medicínský a biotechnologický výzkum. Navrhovaný HSV nazvaný „Genomová biologie“ institucionalizuje výzkumné aktivity v oblasti genomiky a navazujících přístupů, jak jsou aktuálně realizovány na Katedře biologie a ekologie PřF OU (pod hlavičkou jednotky zvané Life Science Research Centre). V rámci aspirací Ostravské univerzity představovat instituci pěstující špičkový základní výzkum by podpora genomicky orientovaného výzkumu měla být jednou z přirozených priorit vycházejících jak z rostoucího obecného významu tohoto segmentu moderní vědy, tak z faktu, že se v posledních letech podařilo tento typ výzkumu na OU úspěšně etablovat. Mezinárodní tým zaštiťující navrhovaný HSV přináší významné nové poznatky a objevy, pravidelně publikuje ve špičkových odborných časopisech a je schopen zajišťovat podstatnou část svých potřeb z tuzemských i zahraničních grantů. Genomické přístupy úzce propojují biologický a medicínský výzkum, proto by mělo být přirozenou ambicí tento HSV postupně dále posilovat a rozšiřovat jako kritické pojítko mezi PřF a LF OU (aktuálně představované čerstvě započatou spoluprací se skupinou prof. Romana Hájka).

Genome biology

Annotation

The development of DNA sequencing methods and the exponentially growing volume of genomic data have recently provided one of the main impulses for biology. The availability of genome sequences from a rapidly increasing number of organisms and the possibility of sequencing genomes and transcriptomes of organisms of interest in labs outside big genome centres have completely changed the nature of biological research. Bioinformatic analyses of genomic and transcriptomic data enable in an unprecedented way to explore the organismal gene repertoire and its evolution. At the same time they provide the basis and inspiration for research oriented onto the function of living systems at the level of individual genes, molecular modules, cells, and whole organisms. Genomics is also critical for modern medicine and biotechnology. The proposed „main research direction“ called „Genome biology“ institutionalizes research activities in the aforementioned field as they are presently realized at the Life Science Research Centre (Department of Biology and Ecology, Faculty of Science). Support of genomically-oriented research naturally fits the general aspirations of the OU to represent an institution hosting top basic research. The international team embodying this „main research direction“ proposal delivers on a regular basis important new results and discoveries, publishes in high-profile journals, and is able to raise substantial financial resources from domestic and international grants to sustain its activities. Furthermore, the „Genome biology“ research direction should be endorsed as a natural platform for the very much needed co-operation between the Faculties of Science and Medicine.

Dílčí oblasti výzkumu:

- srovnávací genomika eukaryot, evoluce eukaryotické buňky a jejích funkčních systémů
- fylogenomika a evoluční genomika, studium diverzity a taxonomie mikrobiálních eukaryot
- funkční genomika a molekulární biologie lidských patogenů
- genomika lidských populací a etnik, paleogenomika

Vazba na doktorské studium:

DSP Biologie – vedení doktorandů (aktuálně dvě obhájené dizertační práce, dalších min. pět obhajob se předpokládá do konce roku 2017) i podíl na institucionálním zabezpečení studijního programu (členství v oborové radě). V budoucnu se předpokládá možné zapojení studentů připravovaného DSP Molekulární a translační medicína na Lékařské fakultě OU.

Akreditace habilitačních a profesorských řízení: ne

Předpokládá se, že v roce 2019, kdy uběhne dvojnásobek standardní doby studia (tj. 8 let) od zahájení DSP Biologie na KBE PŘF OU, bude podána žádost o akreditaci habilitačního a profesorského řízení v oblasti biologie (případná konkrétnější specifikace musí být teprve diskutována). Pracovníci navrhovaného HSV by se měli výraznou měrou uplatnit v zabezpečování podmínek pro udělení a udržení akreditace.

Struktura vědeckého týmu:

Garant HSV:

Doc. Mgr. Marek Eliáš, Ph.D.

Vedoucí dílčích výzkumných skupin (senior researchers)

Doc. Mgr. Marek Eliáš, Ph.D. – genomika, molekulární biologie, evoluce a diverzita protistů, evoluce eukaryotické buňky a jejích systémů (organely, endomembránový systém, cytoskelet)

Doc. Vyacheslav Yurchenko, PhD – funkční genomika, molekulární biologie, diverzita a taxonomie parazitických protozoí, především trypanosomatidů

Pavel Flegontov, PhD – lidská populační a evoluční genomika, genomika a evoluce protistů

Další členové týmu a postdoktorandi

Mgr. Tomáš Pánek, Ph.D.

Aleksei Kostygov, PhD

Mgr. Kristína Záhonová, Ph.D.

Mgr. Piya Changmai, Ph.D.

Mgr. Tereza Ševčíková, Ph.D.

Ing. Vladimír Klimeš

Studenti doktorského studia

Romana Petrželková

Natalia Kraeva

Aygul Ishemgulova

Danyil Grybchuk

Anastasiia Grybchuk-Ieremenko

Anzhelika Butenko

Vědecké výstupy:

Výjimečné excelentní výsledky

- Záhonová K, Kostygov A, Ševčíková T, Yurchenko V, Eliáš M (2016) An unprecedented non-canonical nuclear genetic code with all three termination codons reassigned as sense codons. *Current Biology* **27**:2364-2369. – objev nového typu genetického kódu publikovaný v jednom z nejprestižnějších biologických časopisů (IF = 8.983), všichni autoři jsou členové týmu na OU; má již 9 citací na WoS za méně než rok od vydání (září 2016).
- Karnkowska A, Vacek V, Zubáčová Z, Treitli S, Petrželková R, Eme L, Novák L, Žárský V, Barlow LD, Herman EK, Soukal P, Hroudová M, Doležal P, Stairs CW, Roger AJ, Eliáš M, Dacks JB, Vlček Č, Hampl V (2016) A eukaryote without a mitochondrial organelle. *Current Biology* **26**:1274-1284. – popis prvního eukaryotického organismu bez mitochondrie na základě analýzy jeho genomu, o významu svědčí již 26 citací na WoS za rok od vydání (květen 2016) a udělení Ceny Bedřicha Hrozného za tvůrčí počin na Univerzitě Karlově (<https://www.biocev.eu/cenu-bedricha-hrozného-za-tvurci-pocin-udelil-rektor-uk-tomas-zima-tymu-prirodovedecke-fakulty-uk-vedenemu-docentem-vladimirem-hamplm/>); dva spoluautoři jsou z týmu na OU (jména podtržena).
- Derelle R, Torruella G, Klimeš V, Brinkmann H, Kim E, Vlček Č, Lang BF, Eliáš M (2015) Bacterial proteins pinpoint a single eukaryotic root. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **112**:E693-E699. – Fylogenomická analýza upřesňující pozici kořene (nejhlubšího místa větvení) fylogeneze eukaryote, publikace v jednom z nejprestižnějších multioborových časopisů (IF = 9.674), již 29 citací na WoS, vybrána jako excelentní publikace v rámci II. pilíře hodnocení vědeckých institucí (2017); dva spoluautoři jsou z týmu na OU (jména podtržena).
- Speijer D, Lukeš J, Eliáš M (2015) Sex is a ubiquitous, ancient, and inherent attribute of eukaryotic life. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **112**:8827-8834. – publikace dokládající rozšíření pohlavního rozmnožování u eukaryot na základě analýzy genomů a transkriptomů a řešící jeho evoluční původ, publikace v jednom z nejprestižnějších multioborových časopisů (IF = 9.674), již 28 citací na WoS, vybrána jako excelentní publikace v rámci II. pilíře hodnocení vědeckých institucí (2017); autor z OU (jméno podtrženo) jedním ze spolupodávajících autorů.
- Curtis BA, Tanifuji G, Burki F, Gruber A, Irimia M, Maruyama S, Arias MC, Ball SG, Gile GH, Hirakawa Y, Hopkins JF, Kuo A, Rensing SA, Schmutz J, Symeonidi A, Elias M, Eveleigh RJ, Herman EK, Klute MJ, Nakayama T, Oborník M, Reyes-Prieto A, Armbrust EV, Aves SJ, Beiko RG, Coutinho P, Dacks JB, Durnford DG, Fast NM, Green BR, Grisdale CJ, Hempel F, Henrissat B, Höppner MP, Ishida K, Kim E, Kořený L, Kroth PG, Liu Y, Malik SB, Maier UG, McRose D, Mock T, Neilson JA, Onodera NT, Poole AM, Pritham EJ, Richards TA, Rocap G, Roy SW, Sarai C, Schaack S, Shirato S, Slamovits CH, Spencer DF, Suzuki S, Worden AZ, Zauner S, Barry K, Bell C, Bharti AK, Crow JA, Grimwood J, Kramer R, Lindquist E, Lucas S, Salamov A, McFadden GI, Lane CE, Keeling PJ, Gray MW, Grigoriev IV, Archibald JM (2012) Algal genomes reveal evolutionary mosaicism and fate of nucleomorphs. *Nature* **492**:59-65. – příklad průlomové studie stojící na sekvenování a analýze genomů, publikace v mimořádně prestižním periodiku 138 citací na WoS za pět let od vydání, výsledek práce velkého mezinárodního týmu zahrnujícího i pracovníka z OU (jméno podtrženo).

Významné publikační výstupy (max. 5)

Monografie:

-

Články v časopisech:

- Pánek T, Žihala D, Sokol M, Derelle R, Klimeš V, Hradilová M, Zadrobílková E, Susko E, Roger AJ, Čepička I, Eliáš M (2017) Nuclear genetic codes with a different meaning of the UAG and the UAA codon. *BMC Biology* **15**:8. [IF = 6.779]
- Flegontov P, Changmai P, Zidkova A, Logacheva MD, Altınışık NE, Flegontova O, Gelfand MS, Gerasimov ES, Khrameeva EV, Konovalova OP, Neretina T, Nikolsky YV, Starostin G, Stepanova VV, Travinsky IV, Tříška M, Tříška P, Tatarinova TV (2016) Genomic study of the Ket: a Paleo-Eskimo-related ethnic group with significant ancient North Eurasian ancestry. *Scientific Reports* **6**:20768. [IF = 4.259]
- Kostygov A, Dobáková E, Grybchuk-Ieremenko A, Váhala D, Maslov DA, Votýpka J, Lukeš J, Yurchenko V (2016) Novel trypanosomatid-bacterium association: evolution of endosymbiosis in action. *mBio* **7**:e01985-15. [IF = 6.956]
- Flegontov P, Michálek J, Janouškovec J, Lai H, Jirků M, Hajdušková E, Tomčala A, Otto TD, Keeling PJ, Pain A, Oborník M, Lukeš J (2015) Divergent mitochondrial respiratory chains in phototrophic relatives of apicomplexan parasites. *Molecular Biology and Evolution* **32**: 1115-1131. [IF = 6.202]
- Kraeva N, Butenko A, Hlaváčová J, Kostygov A, Myšková J, Grybchuk D, Leštinová T, Votýpka J, Volf P, Opperdoes F, Flegontov P, Lukeš J, Yurchenko V (2015) *Leptomonas seymouri*: pre-adaptations to the dixenous life cycle analyzed by genome sequencing, transcriptome profiling and co-infection with *Leishmania donovani*. *PLoS Pathogens* **11**:e1005127. [IF = 6.202]

Významné aplikované výsledky

Patenty:

-

Výsledky s právní ochranou (užitný vzor, průmyslový vzor):

-

Hospodářské smlouvy:

-

Software:

-

Významné granty (CEP, mezinárodní) – uvedeny jen aktuálně běžící projekty

- Functional genomics of *Leishmania* virulence (GAČR 17-10656S), řešitel: doc. Vyacheslav Yurchenko, PhD, spoluřešitel: Doc. RNDr. Jan Votýpka PhD (PřF UK), doba řešení: 1.1.2017 – 31.12.2019, celková dotace pro OU: 4.327.000,- Kč
- Salivary proteins of *Sergentomyia schwetzi* sand flies (GAČR 17-10308S), řešitel: prof. RNDr. Petr Volf, CSc. (PřF UK), spoluřešitel: doc. Vyacheslav Yurchenko, PhD, doba řešení: 1.1.2017 – 31.12.2019, celková dotace pro OU: 2.347.000,- Kč
- The dark side of plastid biology: evolution and function of leucoplasts in algae (GAČR 17-21409S), řešitel: doc. Mgr. Marek Eliáš, Ph.D., doba řešení: 1.1.2017 – 31.12.2019, celková dotace pro OU: 3.865.000,- Kč
- Heme: a putative master regulator in trypanosomatids (GAČR 16-18699S), řešitel: prof. RNDr. Julius Lukeš, CSc. (Biologické centrum AV ČR), spoluřešitel: doc. Vyacheslav Yurchenko, PhD, doba řešení: 1.1.2016 – 31.12.2018, celková dotace pro OU: 2.190.000,- Kč
- The Algal Microbiome: Friends and Foes (Horizon 2020, H2020-MSCA-ITN-2014, SEP-210135917), řešitel. Dr. Claire M. Gachon (Scottish Marine Institute, Scottish Association for Marine Science, Oban, Velká Británie), spoluřešitel za OU: doc. Mgr. Marek Eliáš,

Ph.D., doba řešení: 1.1.2015 – 31.12.2018, celková dotace pro OU: 203.838,- EUR (asi 5.500.000 Kč)

- Taxonomically broad genomic study of oxymonads – eukaryotes without mitochondria (GAČR 15-16406S), řešitel: doc. Mgr. Vladimír Hampl, Ph.D. (PřF UK), spoluřešitel: doc. Mgr. Marek Eliáš, Ph.D., doba řešení: 1.1.2015 – 31.12.2017, celková dotace pro OU: 2.223.000,- Kč

Ohlasy vědecké obce a společnosti:

Významná ocenění členů týmu

- 2017 Cena Neuron pro mladé vědce (M. Eliáš)
- 2016 Cena rektora za mimořádnou vědecko-výzkumnou nebo uměleckou činnost akademických a vědeckých pracovníků OU do 35 let (P. Flegontov)
- 2015, 2016 cena děkana PřF OU v Ostravě za publikační výstupy (M. Eliáš, V. Yurchenko)
- 2013 cena Učené společnosti České republiky v kategorii mladých vědeckých pracovníků (M. Eliáš)

Členství v mezinárodních redakčních radách časopisů

- *Folia Parasitologica* (V. Yurchenko)
- *PLoS ONE* (V. Yurchenko)
- *BMC Genomics* (V. Yurchenko)

Mediální ohlasy

- Reportáže o práci LSRC a M. Eliáše v tisku a České televizi v souvislosti s udělením Ceny učené společnosti ČR (2013) a Ceny Neuron pro mladé vědce (2017).

Ekonomické zajištění:

Popis stávajícího financování:

Provoz LSRC (tj. vlastní organizační jednotky aktuálně zabezpečující navrhovaný HSV) je financován z mnoha zdrojů. V roce 2017 je podstatným zdrojem interní univerzitní IRP projekt „Nové směry výzkumu v Life Science Research Centre“ (celkový rozpočet 2.607.000,- Kč), který je z většiny využit na pokrytí mzdových nákladů. Dále dobíhá interní projekt „Life Science Research Centre: stabilization and new perspectives“, jedna ze součástí celouniverzitního projektu „Posilování mezinárodní spolupráce v oblasti vědy, výzkumu a vzdělávání“ financovaného z rozpočtu Moravskoslezského kraje. Tento projekt pokrývá další část mezd (pouze do září 2017). Menší část mzdových prostředků pro pracovníky LSRC je zabezpečena jejich participací na projektu Institutu environmentálních technologií „TEWEP“. Studenti doktorského studia pracující v týmech LSRC mají k dispozici určité prostředky díky grantům Studentské grantové soutěže OU. Velmi významnými zdroji jsou externí grantové projekty, v roce 2017 celkově pět běžících projektů GAČR a jeden mezinárodní projekt financovaný programem Horizon 2020 (viz seznam výše). Klíčovým zdrojem jsou pak prostředky představované podílem režijních nákladů strhávaných z rozpočtů externích projektů a vrácených na pracoviště, které umožňují pokrýt plat administrativního pracovníka nezbytného pro chod centra. Stále větší roli pak hrají prostředky institucionálního financování, tj. to, co jsou pracovníci LSRC schopni přinést svojí publikační aktivitou prostřednictvím bodů RIV.

Popis mechanismu udržitelnosti:

Zajištění financování činnosti LSRC, tedy prostředků na platy pracovníků a realizaci vlastních výzkumných aktivit (z podstaty finančně náročných) představuje trvalou výzvu. Do roku 2018 již nepokračují tři stávající projekty (MSK, IRP, jeden z grantů GAČR), další dva projekty (GAČR a Horizon 2020) budou končit na konci roku 2018. Tyto očekávané výpadky by měly být kompenzovány ziskem nových grantových projektů. Pracovníci LSRC letos podali (v pozici řešitele nebo spoluřešitele) celkem čtyři nové návrhy projektů GAČR. V. Yurchenko participuje jako spolunavrhovatel projektu „Nové směry biomedicínského výzkumu na Ostravsku“ podaném do výzvy OP VVV "Předaplikační výzkum pro ITI" (navrhovatel: prof. Roman Hájek, LF OU); v případě financování by tento projekt přinesl týmu LSRC více než 5 mil. Kč pro období 2018-2021. Největší význam má ale návrh projektu „Centrum výzkumu patogenity a virulence parazitů“, který byl v roce 2016 podán ve spolupráci s partnery z centra BIOCEV (Univerzita Karlova) a Biologického centra AV ČR v Českých Budějovicích do výzvy OP VVV „Excelentní výzkum“. Projekt byl velmi dobře hodnocen v 1. kole (8. místo v bodovém hodnocení) a je reálné, že bude financován (aktualizovaná verze projektu pro 2. kolo hodnocení byla podána v květnu 2017, konečný verdikt by měl být znám do konce roku 2017). V tom případě by projekt pro potřeby LSRC představoval více než 40 mil. Kč pro období 2018-2022 (včetně investičních prostředků) a relativní stabilizaci finanční situace tohoto útvaru. Bez ohledu na případný úspěch tohoto projektového návrhu však pracovníci LSRC budou i nadále připravovat další návrhy do výzev relevantních poskytovatelů (zejména GAČR) za účelem získání prostředků na realizaci výzkumných aktivit vybočujících z rámce definovaného „centra excelence“. Zde jde především o problematiku lidské populační genomiky, která byla prozatím rozvíjena zejména díky podpoře projektu IRP. Předpokládá se rovněž podávání žádostí o zahraniční granty (včetně ERC).

Prioritní elektronické databáze literatury:

- WoS, ScienceDirect, Wiley Online Library, SpringerLink

Program HSV na následující období (5letý výhled)

Ve výzkumné rovině se pro následující období předpokládá zachování stávajícího zaměření dílčích týmů LSRC s postupným nárůstem objemu práce zaměřené na oblast lidské genomiky (studium historie a šíření lidských populací, perspektivně i medicínská genomika). Výzkumné aktivity budou i nadále realizovány v těsné spolupráci s kolegy v tuzemsku (prof. Julius Lukeš, prof. Miroslav Oborník, Biologické centrum AV ČR; prof. Petr Volf, doc. Jan Votýpka, doc. Vladimír Hampl, doc. Ivan Čepička, prof. Jan Tachezy, PŘF UK) i zahraničí (Andrew J. Roger, Dalhousie University, Halifax; Dmitry A. Maslov, University of California, Riverside, ad.). Velice perspektivní se jeví nedávno navázaná spolupráce P. Flegontova s jedním z nejvýznamnějších expertů na lidskou evoluční genomiku, prof. Davida Reicha (Harvard Medical School). Důraz bude i nadále kladen na publikování výsledků v kvalitních časopisech s postupným nárůstem prací, v nichž jsou pracovníci z OU na pozicích hlavních autorů.

M. Eliáš a V. Yurchenko předpokládají získání profesury v horizontu dvou až tří let, u P. Flegontova se předpokládá habilitace. To by mělo dále stabilizovat a posílit pozici pracoviště s ohledem na zabezpečování akreditací studijních programů i zvýšit šance na získání akreditace pro habilitační a profesorské řízení v oblasti biologie.

Příloha 1: Bibliometrické údaje o vedoucích týmu.

Člen týmu	Jimp	Jsc	Jrec	B	C	D	PFGNH	Citací	H-index	Zdroj
Doc. Mgr. Marek Eliáš, Ph.D.	57	-	-	-	3	-	-	3440	22	WoS
Doc. Vyacheslav Yurchenko, PhD	66	-	3	-	1	-	-	1658	23	WoS
Pavel Flegontov, PhD	23	-	1	-	1	-	-	234	9	WoS

Příloha 2: Publikace za posledních 5 let (2013-2017, pouze články v časopisech s IF, jména aktuálních pracovníků týmu jsou podtržena):

- Gentekaki E, Curtis B, Stairs C, Klimeš V, Eliáš M, Salas D, Herman EK, Eme L, Arias MC, Henrissat B, Hilliou F, Klute M, Suga H, Malik SB, Pightling AW, Kolisko M, Rachubinski RA, Schlacht A, Soanes DM, Tsaousis A, Archibald JM, Ball SG, Dacks JB, Clark GC, van der Giezen M, Roger AJ. Extreme genome diversity in the hyper-prevalent parasitic eukaryote *Blastocystis*. *PLoS Biology*, in press. [IF = 9.797]
- Huang Y, Pamjav H, Flegontov P, Stenzl V, Wen S, Tong X, Wang C, Wang L, Wei L, Gao J, Jin L, Li H. Dispersals of the Siberian Y-chromosome haplogroup Q in Eurasia. *Molecular Genetics and Genomics*, published on-line (doi: 10.1007/s00438-017-1363-8). [IF = 2.979]
- Butenko A, da Silva Vieira T, Frolov AO, Opperdoes FR, Soares RP, Kostygov AY, Lukeš J, Yurchenko V (2017) *Leptomonas pyrrocoris*: genomic insight into parasite's physiology. *Current Genomics*, published on-line (doi: 10.2174/1389202918666170815143331). [IF = 1.835]
- Kostygov AY, Yurchenko V (2017) Revised classification of the subfamily Leishmaniinae (Kinetoplastida). *Folia Parasitologica* **64**:020. [IF = 1.082]
- Gutiérrez G, Chistyakova LV, Villalobo E, Kostygov AY, Frolov AO (2017) Identification of *Pelomyxa palustris* endosymbionts. *Protist* **168**:408-424. [IF = 2.794]
- Kang S, Tice A, Spiegel FW, Silberman JD, Pánek T, Čepička I, Kostka M, Kosakyan A, Alcântara DM, Roger AJ, Shadwick LL, Smirnov A, Kudryavstev A, Lahr DJG, Brown MW (2017) Between a pod and a hard test: the deep evolution of amoebae. *Molecular Biology and Evolution* **34**:2258-2270. [IF = 6.202]
- Ishemgulova A, Kraeva N, Hlaváčová J, Zimmer SL, Butenko A, Podešvová L, Leštinová T, Lukeš J, Kostygov A, Votýpka J, Volf P, Yurchenko V (2017) A putative ATP/GTP binding protein affects *Leishmania mexicana* growth in insect vectors and vertebrate hosts. *PLoS Neglected Tropical Diseases* **11**:e0005782. [IF = 3.834]
- Lukša J, Ravoitytė B, Konovalovas A, Aitmanaitė L, Butenko A, Yurchenko V, Serva S, Servienė E (2017) Different metabolic pathways are involved in response of *Saccharomyces cerevisiae* to L-A and M viruses. *Toxins* **9**:E233. [IF = 3.030]
- Frolov AO, Malysheva MN, Ganyukova AI, Yurchenko V, Kostygov AY (2017) Life cycle of *Blastocrithidia papi* sp. n. (Kinetoplastea, Trypanosomatidae) in *Pyrrocoris apterus* (Hemiptera, Pyrrhocoridae). *European Journal of Protistology* **57**:85–98. [IF = 2.581]
- Pánek T, Žihala D, Sokol M, Derelle R, Klimeš V, Hradilová M, Zadrobílková E, Susko E, Roger AJ, Čepička I, Eliáš M (2017) Nuclear genetic codes with a different meaning of the UAG and the UAA codon. *BMC Biology* **15**:8. [IF = 6.779]
- Ishemgulova A, Butenko A, Kortišová L, Boucinha C, Grybchuk-Ieremenko A, Morelli KA, Tesařová M, Kraeva N, Grybchuk D, Pánek T, Flegontov P, Lukeš J, Votýpka J, Pavan MG, Opperdoes FR, Spodareva V, d'Avila-Levy CM, Kostygov AY, Yurchenko V (2017) Molecular mechanisms of thermal resistance of the insect trypanosomatid *Crithidia thermophila*. *PLoS ONE* **12**:e0174165. [IF = 2.806]
- Podešvová L, Huang H, Yurchenko V (2017) Inducible protein stabilization system in *Leishmania mexicana*. *Molecular and Biochemical Parasitology* **214**:62-64. [IF = 2.536]

- Kraeva N, Horáková E, Kostygov A, Kořený L, Butenko A, Yurchenko V, Lukeš J (2017) Catalase in Leishmaniinae: with me or against me? *Infection Genetics and Evolution* **50**:121-127. [IF = 2.885]
- Frolov AO, Malysheva MN, Yurchenko V, Kostygov AY (2016) Back to monoxeny: *Phytomonas nordicus* descended from dixenous plant parasites. *European Journal of Protistology* **52**:1-10. [IF = 2.581]
- Eliáš M, Klimeš V, Derelle R, Petrželková R, Tachezy J (2016) A paneukaryotic genomic analysis of the small GTPase RABL2 underscores the significance of recurrent gene loss in eukaryote evolution. *Biology Direct* **11**:5. [IF = 2.856]
- Flegontov P, Changmai P, Zidkova A, Logacheva MD, Altınışık NE, Flegontova O, Gelfand MS, Gerasimov ES, Khrameeva EV, Konovalova OP, Neretina T, Nikolsky YV, Starostin G, Stepanova VV, Travinsky IV, Třiska M, Třiska P, Tatarinova TV (2016) Genomic study of the Ket: a Paleo-Eskimo-related ethnic group with significant ancient North Eurasian ancestry. *Scientific Reports* **6**:20768. [IF = 4.259]
- Yurchenko V, Kostygov A, Havlová J, Grybchuk-Ieremenko A, Ševčíková T, Lukeš J, Ševčík J, Votýpka J (2016) Diversity of trypanosomatids in cockroaches and the description of *Herpetomonas tarakana* sp. n. *Journal of Eukaryotic Microbiology* **63**:198-209. [IF = 2.692]
- Kostygov A, Dobáková E, Grybchuk-Ieremenko A, Váhala D, Maslov DA, Votýpka J, Lukeš J, Yurchenko V (2016) Novel trypanosomatid-bacterium association: evolution of endosymbiosis in action. *mBio* **7**:e01985-15. [IF = 6.956]
- Ševčíková T, Zbránková Z, Klimeš V, Strnad H, Hroudová M, Vlček Č, Eliáš M (2016) A comparative analysis of mitochondrial genomes in eustigmatophyte algae. *Genome Biology and Evolution* **8**:705-722. [IF = 3.979]
- Flegontov P, Butenko A, Firsov S, Kraeva N, Eliáš M, Field MC, Filatov D, Flegontova O, Gerasimov ES, Hlaváčová J, Ishemgulova A, Jackson AP, Kelly S, Kostygov AY, Logacheva MD, Maslov DA, Opperdoes FR, O'Reilly A, Sádlová J, Ševčíková T, Venkatesh D, Vlček C, Volf P, Votýpka J, Záhonová K, Yurchenko V, Lukeš J (2016) Genome of *Leptomonas pyrrhocoris*: a high-quality reference for monoxenous trypanosomatids and new insights into evolution of *Leishmania*. *Scientific Reports* **6**:23704. [IF = 4.259]
- Karnkowska A, Vacek V, Zubáčová Z, Treitli S, Petrželková R, Eme L, Novák L, Žárský V, Barlow LD, Herman EK, Soukal P, Hroudová M, Doležal P, Stairs CW, Roger AJ, Eliáš M, Dacks JB, Vlček Č, HAMPL V (2016) A eukaryote without a mitochondrial organelle. *Current Biology* **26**:1274-1284. [IF = 8.851]
- Ishemgulova A, Kraeva N, Faktorová D, Podešvová L, Lukeš J, Yurchenko V (2016) T7 polymerase-driven transcription is downregulated in metacyclic promastigote and amastigote *Leishmania mexicana*. *Folia Parasitologica* **63**:016. [IF = 1.082]
- Fulnečková J, Ševčíková T, Lukešová A, Sýkorová E (2016) Transitions between the Arabidopsis-type and the human-type telomere sequence in green algae (clade Caudivolvoxa, Chlamydomonadales). *Chromosoma* **125**:437-451. [IF = 4.414]
- Corrochano LM, Kuo A, Marcet-Houben M, Polaino S, Salamov A, Villalobos-Escobedo JM, Grimwood J, Álvarez MI, Avalos J, Bauer D, Benito EP, Benoit I, Burger G, Camino LP, Cánovas D, Cerdá-Olmedo E, Cheng JF, Domínguez A, Eliáš M, Eslava AP, Glaser F, Gutiérrez G, Heitman J, Henrissat B, Iturriaga EA, Lang BF, Lavin JL, Lee SC, Li W, Lindquist E, López-García S, Luque E, Marcos AT, Martin J, McCluskey K, Medina HR, Miralles-Durán A, Miyazaki A, Muñoz-Torres E, Oguiza JA, Ohm RA, Olmedo M, Orejas M, Ortiz-Castellanos L, Pisabarro AG, Rodríguez-Romero J, Ruiz-Herrera J, Ruiz-Vázquez RM, Sanz C, Schackwitz W, Shahriari M, Shelest E, Silva-Franco F, Soanes D, Syed K, Tagua VG, Talbot NJ, Thon MR, Tice H, de Vries RP, Wiebenga A, Yadav JS, Braun EL, Baker SE, Garre V, Schmutz J, Horwitz BA, Torres-Martinez S, Idnurm A, Herrera-Estrella A, Gabaldón T, Grigoriev IV (2016) Expansion of signal transduction pathways in fungi by extensive genome duplication. *Current Biology* **26**:1577-1584. [IF = 8.851]
- Záhonová Z, Füssy Z, Oborník M, Eliáš M, Yurchenko V (2016) RuBisCO in non-photosynthetic alga *Euglena longa*: Divergent features, transcriptomic analysis and regulation of complex formation. *PLoS ONE* **11**:e0158790. [IF = 2.806]

- Morozova I, Flegontov P, Mikheyev AS, Bruskin S, Asgharian H, Ponomarenko P, Klyuchnikov V, ArunKumar G, Prokhortchouk E, Gankin Y, Rogaev E, Nikolsky Y, Baranova A, Elhaik E, Tatarinova TV (2016) Toward high-resolution population genomics using archaeological samples. *DNA Research* **23**:295-310. [IF = 5.404]
- Opperdoes FR, Butenko A, Flegontov P, Yurchenko V, Lukeš J (2016) Comparative metabolism of free-living *Bodo saltans* and parasitic trypanosomatids. *Journal of Eukaryotic Microbiology* **63**:657-678. [IF = 2.692]
- Flegontov P, Kassian A, Thomas MG, Fedchenko V, Changmai P, Starostin G (2016) Pitfalls of the geographic population structure (GPS) approach applied to human genetic history: A case study of Ashkenazi Jews. *Genome Biology and Evolution* **8**:2259-2265. [IF = 3.979]
- Záhonová K, Kostygov A, Ševčíková T, Yurchenko V, Eliáš M (2016) An unprecedented non-canonical nuclear genetic code with all three termination codons reassigned as sense codons. *Current Biology* **27**:2364-2369. [IF = 8.851]
- d'Avila-Levy CM, Yurchenko V, Votýpka J, Grellier P (2016) Protist collections: Essentiality for future research. *Trends in Parasitology* **32**:840-842. [IF = 6.333]
- Yurchenko T, Ševčíková T, Strnad H, Butenko A, Eliáš M (2016) The plastid genome of some eustigmatophyte algae harbours a bacteria-derived six-gene cluster for biosynthesis of a novel secondary metabolite. *Open Biology* **6**:160249. [IF = 3.481]
- Ševčík J, Kaspřák D, Mantič M, Fitzgerald S, Ševčíková T, Tóthová A, Jaschhof M (2016) Molecular phylogeny of the megadiverse insect infraorder Bibionomorpha *sensu lato* (Diptera). *PeerJ* **4**:e2563. [IF = 2.177]
- Derelle R, Torruella G, Klimeš V, Brinkmann H, Kim E, Vlček Č, Lang BF, Eliáš M (2015) Bacterial proteins pinpoint a single eukaryotic root. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **112**:E693-E699. [IF = 9.661]
- Losev A, Grybchuk-Ieremenko A, Kostygov AY, Lukeš J, Yurchenko V (2015) Host specificity, pathogenicity and mixed infections of trypanoplasms from freshwater fishes. *Parasitology Research* **114**:1071-1078. [IF = 2.329]
- Flegontov P, Michálek J, Janouškovec J, Lai H, Jirků M, Hajdušková E, Tomčala A, Otto TD, Keeling PJ, Pain A, Oborník M, Lukeš J (2015) Divergent mitochondrial respiratory chains in phototrophic relatives of apicomplexan parasites. *Molecular Biology and Evolution* **32**: 1115-1131. [IF = 6.202]
- Ševčíková T, Horák A, Klimeš V, Zbránková V, Demir-Hilton E, Sudek S, Jenkins J, Schmutz J, Příbyl P, Fousek J, Vlček Č, Lang BF, Oborník M, Worden AZ, Eliáš M (2015) Updating algal evolutionary relationships through plastid genome sequencing: did alveolate plastids emerge through endosymbiosis of an ochrophyte? *Scientific Reports* **5**:10134. [IF = 4.259]
- Speijer D, Lukeš J, Eliáš M (2015) Sex is a ubiquitous, ancient, and inherent attribute of eukaryotic life. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **112**:8827-8834. [IF = 9.661]
- Kozlov K, Chebotarev D, Hassan M, Triska M, Triska P, Flegontov P, Tatarinova TV (2015) Differential evolution approach to detect recent admixture. *BMC Genomics* **16 Suppl 8**:S9. [IF = 3.729]
- Leger MM, Petrů M, Žárský V, Eme L, Vlček Č, Harding T, Lang BF, Eliáš M, Doležal P, Roger AJ (2015) An ancestral bacterial division system is widespread in eukaryotic mitochondria. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **112**:10239-10246. [IF = 9.661]
- Kraeva N, Butenko A, Hlaváčová J, Kostygov A, Myšková J, Grybchuk D, Leštinová T, Votýpka J, Volf P, Opperdoes F, Flegontov P, Lukeš J, Yurchenko V (2015) *Leptomonas seymouri*: pre-adaptations to the dixenous life cycle analyzed by genome sequencing, transcriptome profiling and co-infection with *Leishmania donovani*. *PLoS Pathogens* **11**:e1005127. [IF = 6.202]
- Hamilton PT, Votýpka J, Dostálová A, Yurchenko V, Bird NH, Lukeš J, Lemaitre B, Perlman SJ (2015) Infection dynamics and immune response in a newly described *Drosophila*-trypanosomatid association. *mBio* **6**:e01356-15. [IF = 6.956]

- Votýpka J, d'Avila-Levy CM, Grellier P, Maslov DA, Lukeš J, Yurchenko V (2015) New approaches to systematics of Trypanosomatidae: criteria for taxonomic (re)description. *Trends in Parasitology* **31**:460-469. [IF = 6.333]
- Kozminsky E, Kraeva N, Ishemgulova A, Dobáková E, Lukeš J, Kment P, Yurchenko V, Votýpka J, Maslov DA (2015) Host-specificity of monoxenous trypanosomatids: statistical analysis of the distribution and transmission patterns of the parasites from Neotropical Heteroptera. *Protist* **166**:551-568. [IF = 2.794]
- David V, Flegontov P, Gerasimov E, Tanifugi G, Hashimi H, Logacheva MD, Maruyama S, Onodera NT, Gray MW, Archibald JM, Lukeš J (2015) Gene loss and error-prone RNA editing in the mitochondrial genome of *Perkinsela*, an endosymbiotic kinetoplastid. *mBio* **6**:e01498-15. [IF = 6.956]
- D'Avila-Levy CM, Boucinha C, Kostygov A, Santos HLC, Morelli KA, Grybchuk-Ieremenko A, Duval L, Votýpka J, Yurchenko V, Grellier P, Lukeš J (2015) Exploring the environmental diversity of kinetoplastid flagellates in the high-throughput DNA sequencing era. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* **110**:956-965. [IF = 2.605]
- Vukašinović N, Cvrčková F, Eliáš M, Cole R, Fowler JE, Žárský V, Synek L (2014) Dissecting a Hidden Gene Duplication: The *Arabidopsis thaliana* SEC10 Locus. *PLoS ONE* **9**:e94077. [IF = 2.806]
- Záhonová K, Hadariová L, Vacula R, Yurchenko V, Eliáš M, Krajčovič J, Vesteg M (2014) A small portion of plastid transcripts is polyadenylated in the flagellate *Euglena gracilis*. *FEBS Letters* **588**:783-788. [IF = 3.623]
- Yurchenko V, Votýpka J, Tesařová M, Klepetková H, Kraeva N, Jirků M, Lukeš J (2014) Ultrastructure and molecular phylogeny of four new species of monoxenous trypanosomatids from flies (Diptera: Brachycera) with redefinition of the genus *Wallaceina*. *Folia Parasitologica* **61**:97-112. [IF = 1.082]
- Fawley KP, Eliáš M, Fawley MW (2014) The diversity and phylogeny of the commercially important algal class Eustigmatophyceae, including the new clade Goniochloridales. *Journal of Applied Phycology* **26**:1773-1782. [IF = 2.616]
- Klimeš V, Gentekaki E, Roger AJ, Eliáš M (2014) A large number of nuclear genes in the human parasite *Blastocystis* require mRNA polyadenylation to create functional termination codons. *Genome Biology and Evolution* **6**:1956-1961. [IF = 3.979]
- Kostygov AY, Grybchuk-Ieremenko A, Malysheva MN, Frolov AO, Yurchenko V (2014) Molecular revision of the genus *Wallaceina*. *Protist* **165**:594-604. [IF = 2.794]
- Lukeš J, Skalický T, Týč J, Votýpka J, Yurchenko V (2014) Evolution of parasitism in kinetoplastid flagellates. *Molecular and Biochemical Parasitology* **195**:115-122. [IF = 2.536]
- Chistyakova LV, Kostygov AY, Kornilova OA, Yurchenko V (2014) Reisolation and redescription of *Balantidium duodeni* Stein, 1867 (Litostomatea, Trichostomatia). *Parasitology Research* **113**:4207-4215. [IF = 2.329]
- Votýpka J, Kostygov AY, Kraeva N, Grybchuk-Ieremenko A, Tesařová M, Grybchuk D, Lukeš J, Yurchenko V (2014) *Kentomonas* gen. n., a new genus of endosymbiont-containing trypanosomatids of Strigomonadinae subfam. n. *Protist* **165**:825-838. [IF = 2.794]
- Kraeva N, Ishemgulova A, Lukeš J, Yurchenko V (2014) Tetracycline-inducible gene expression system in *Leishmania mexicana*. *Molecular and Biochemical Parasitology* **198**:11-13. [IF = 2.536]
- Grybchuk-Ieremenko A, Losev A, Kostygov AY, Lukeš J, Yurchenko V (2014) High prevalence of mixed trypanosome co-infections in freshwater fishes. *Folia Parasitologica* **6**: 495-504. [IF = 1.082]
- Ševčík J, Kaspřák D, Mantič M, Ševčíková T, Tóthová A (2014) Molecular phylogeny of the fungus gnat family Diadocidiidae and its position within the infraorder Bibionomorpha (Diptera). *Zoologica Scripta* **43**:370-378. [IF = 2.837]
- Votýpka J, Suková E, Kraeva N, Ishemgulova A, Duží I, Lukeš J, Yurchenko V. (2013) Diversity of trypanosomatids (Kinetoplastea: Trypanosomatidae) parasitizing fleas (Insecta: Siphonaptera) and description of a new genus *Blechomonas* gen. n. *Protist* **164**:763-781. [IF = 2.794]

- Maslov D, Votýpka J, Yurchenko V, Lukeš J. (2013) Diversity and evolution of insect trypanosomatids: all that is hidden shall be revealed. *Trends in Parasitology* **29**: 43-52. [IF = 6.333]
- Kaufnerová V, Eliáš M (2013) The demise of the genus *Scotiellopsis* Vinatzer (Chlorophyta). *Nova Hedwigia* **97**:415-428. [IF = 0.941]
- Read BA, Kegel J, Klute MJ, Kuo A, Lefebvre SC, Maumus F, Mayer C, Miller J, Monier A, Salamov A, Young J, Aguilar M, Claverie JM, Frickenhaus S, Gonzalez K, Herman EK, Lin YC, Napier J, Ogata H, Sarno AF, Shmutz J, Schroeder D, de Vargas C, Verret F, von Dassow P, Valentin K, Van de Peer Y, Wheeler G; *Emiliana huxleyi* Annotation Consortium (incl. Eliáš M), Dacks JB, Delwiche CF, Dyhrman ST, Glöckner G, John U, Richards T, Worden AZ, Zhang X, Grigoriev IV (2013) Pan genome of the phytoplankton *Emiliana* underpins its global distribution. *Nature* **499**:209-213. [IF = **40.137**]
- Gaysina L, Němcová Y, Škaloud P, Ševčíková T, Eliáš M (2013) *Chloropyrula uraliensis* gen. et sp. nov. (Trebouxiophyceae, Chlorophyta), a new green coccoid alga with a unique ultrastructure, isolated from soil in South Urals. *Journal of Systematics and Evolution* **51**:476-484. [IF = 2.050]
- Schlacht A, Mowbrey K, Elias M, Kahn RA, Dacks JB (2013) Ancient complexity, opisthokont plasticity, and discovery of the 11th subfamily of Arf GAP proteins. *Traffic* **14**:636-649. [IF = 4.133]
- Collén J, Porcel B, Carré W, Ball S, Chaparro C, Tonon T, Barbeyron T, Michel G, Noel B, Valentin K, Elias M, Artiguenave F, Arun A, Aury JM, Barbosa-Neto JF, Bothwell JH, Bouget FY, Brillet L, Cabello-Hurtado F, Capella-Gutierrez S, Charrier B, Cladiere L, Cock JM, Coelho SM, Colleoni C, Czjzek M, Da Silva C, Delage L, Denoeud F, Deschamps F, Dittami SM, Gabaldón T, Gachon CMM, Groisillier A, Hervé C, Jabbari K, Katinka M, Kloareg B, Kowalczyk N, Labadie K, Leblanc C, Lopez PJ, McLachlan D, Meslet-Cladiere L, Moustafa A, Nehr Z, Nyval-Collén P, Panaud O, Partensky F, Poulain J, Rensing SA, Rousvoal S, Samson G, Symeonidi A, Weissenbach J, Zambounis A, Wincker P, Boyen C (2013) Genome structure and metabolic features in the red seaweed *Chondrus crispus* shed light on evolution of the Archaeplastida. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **110**:5247-5252. [IF = 9.661]
- Fulnečková J, Ševčíková T, Fajkus J, Lukešová A, Lukeš M, Vlček Č, Lang BF, Kim E, Eliáš M, Sýkorová E (2013) A broad phylogenetic survey unveils the diversity and evolution of telomeres in eukaryotes. *Genome Biology and Evolution* **5**:468-483. [IF = 3.979]
- Eliáš M, Neustupa J, Pažoutová M, Škaloud P (2013) A case of taxonomic inflation in coccoid algae: *Ellipsoidion parvum* and *Neocystis vischeri* are conspecific with *Neocystis (=Nephrodiella) brevis* (Chlorophyta, Trebouxiophyceae). *Phytotaxa* **76**:15-27. [IF = 1.24]