

## Charakteristika predkladaného výstupu tvorivej činnosti / Characteristics of the submitted research/ artistic/other output

*Tlačivo VTC slúži na predkladanie výstupov tvorivej činnosti podľa metodiky hodnotenia tvorivých činností (časť V. Metodiky na vyhodnocovanie štandardov) / The form is used to submit the research/artistic/other outputs according to the evaluation methodology of research/artistic/other activities (part V. The Methodology for Standards Evaluation).*

ID konania/ID of the procedure: <sup>1</sup>	
Kód VTC/Code of the research/artistic/other output (RAOO): <sup>1</sup>	

OCA1. Priezvisko hodnotenej osoby / Surname awarded to the assessed person <sup>2</sup>	Glasa	
OCA2. meno hodnotenej osoby / Name awarded to the assessed person <sup>2</sup>	Miroslav	
OCA3. Tituly hodnotenej osoby / Degrees awarded to the assessed person <sup>2</sup>	doc., Ing., DrSc./ Assoc. prof. Ing. DrSc.	
OCA4. Hyperlink na záznam osoby v Registri zamestnancov vysokých škôl / Hyperlink to the entry of the person in the Register of university staff <sup>3</sup>	<a href="https://www.portalvs.sk/regzam/detail/32350">https://www.portalvs.sk/regzam/detail/32350</a>	
OCA5. Oblast posudzovania / Area of assessment <sup>4</sup>	Biológia/Biology	
OCA6. Kategória výstupu tvorivej činnosti / Category of the research/ artistic/other output <i>Výber zo 6 možností (pozri Vysvetlivky k položke OCA6) / Choice from 6 options</i>	vedecký výstup / scientific output	
OCA7. Rok vydania výstupu tvorivej činnosti / Year of publication of the research/artistic/other output	2017	
OCA8. ID záznamu v CREPČ alebo CREUČ (ak je) / ID of the record in the Central Registry of Publication Activity (CRPA) or the Central Registry of Artistic Activity (CRAA) <sup>5</sup>	ID = 73451	
OCA9. Hyperlink na záznam v CREPČ alebo CREUČ / Hyperlink to the record in CRPA or CRAA <sup>6</sup>	<a href="https://app.crepc.sk/?fn=detailBiblioForm&amp;sid=FFA049147519E6FCA530F4C7">https://app.crepc.sk/?fn=detailBiblioForm&amp;sid=FFA049147519E6FCA530F4C7</a>	
<b>vány v CREPČ alebo CREUČ / Characteristics of the output that is not registered in CRPA or CRAA</b>	OCA10. Hyperlink na záznam v inom verejne prístupnom registri, katalógu výstupov tvorivých činností / Hyperlink to the record in another publicly accessible register, catalogue of research/ artistic/other outputs <sup>7</sup>	
	OCA11. Charakteristika výstupu vo formáte bibliografického záznamu CREPČ alebo CREUČ, ak výstup nie je vo verejne prístupnom registri alebo katalógu výstupov / Characteristics of the output in the format of the CRPA or the CRAA bibliographic record, if the output is not available in a publicly accessible register or catalogue of outputs	Analysis of Grapevine rupestris stem pitting-associated virus in Slovakia Reveals Differences in Intra-Host Population Diversity and Naturally Occurring Recombination Events. Glasa, Miroslav, Predajňa, Lukáš, Šoltys, Katarína, Sihelská, Nina, Nagyová, Alžbeta, Wetzler, Thierry, Sabanadzovic, Sead. The Plant Pathology Journal, 2017, 33, 5, 508-513.
	OCA12. Typ výstupu (ak nie je výstup registrovaný v CREPČ alebo CREUČ) / Type of the output (if the output is not registered in CRPA or CRAA) <i>Výber zo 67 možností (pozri Vysvetlivky k položke OCA12) / Choice from 67 options (see Explanations for OCA12).</i>	článok/ article
	OCA13. Hyperlink na stránku, na ktorej je výstup sprístupnený (úplný text, iná dokumentácia a podobne) / Hyperlink to the webpage where the output is available (full text, other documentation, etc.)	<a href="https://www.ppjonline.org/journal/view.php?id=10.5423/PPJ.OA.07.2016.0158">https://www.ppjonline.org/journal/view.php?id=10.5423/PPJ.OA.07.2016.0158</a>
	OCA14. Charakteristika autorského vkladu / Characteristics of the author's contribution	[25 %] Korešpondujúci a prvý autor, autor konceptu experimentálnej časti a metodológie, vedúci príslušného výskumného projektu/ [25 %] Corresponding and the first author, author of the experimental concept and methodology, principal investigatot of the respective scientific project

Charakteristika výstupu, ktorý nie je registro	<p>OCA15. Anotácia výstupu s kontextovými informáciami týkajúcimi sa opisu tvorivého procesu a obsahu tvorivej činnosti a pod. / Annotation of the output with contextual information concerning the description of creative process and the content of the research/artistic/other activity, etc.<sup>8</sup></p> <p><i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i>  <i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	<p>GRSPaV je celosvetovo rozšírený patogén viniča s vysokou genetickou variabilitou. Naša štúdia odhalila rozdiely v komplexnosti populácie GRSPaV v jednom hostiteľovi. Z rastliny viniča SK30 bola zistená infekcia GRSPaV s jednou variantou. Naopak, vinič SK704 bol infikovaný tromi rôznymi variantmi GRSPaV. V tejto práci boli vypracované prototypy detektie RT-PCR špecifické pre jednotlivé varianty s cieľom študovať distribúciu troch rôznych variantov v tej istej rastline počas sezóny. Táto štúdia ukázala ich náhodnú distribúciu v infikovanej rastline viniča SK704. Porovnávacia analýza sekvenčí genomu v plnej dĺžke štyroch slovenských izolátov GRSPaV určených v tejto práci a 14 databázových sekvenčí ukázala, že populácie vírusu sa zoskupujú do štyroch hlavných fylogenetických linií. Okrem toho naše analýzy naznačujú, že genetická rekombinácia spolu s bodovými mutáciami by mohli zohrávať významnú úlohu pri formovaní evolučnej história GRSPaV a prispieť k jeho súčasnej genetickej diverzifikácii.</p>
OCA16. Anotácia výstupu v anglickom jazyku / Annotation of the output in English <sup>9</sup>	<p><i>Rozsah do 200 slov / Range up to 200 words</i></p>	<p>Grapevine rupestris stem pitting-associated virus (GRSPaV) is a worldwide-distributed pathogen in grapevines with a high genetic variability. Our study revealed differences in the complexity of GRSPaV population in a single host. A single-variant GRSPaV infection was detected from the SK30 grapevine plant. On the contrary, SK704 grapevine was infected by three different GRSPaV variants. Variant-specific RT-PCR detection protocols have been developed in this work to study distribution of the three different variants in the same plant during the season. This study showed their randomized distribution in the infected SK704 grapevine plant. Comparative analysis of fulllength genome sequences of four Slovak GRSPaV isolates determined in this work and 14 database sequences showed that population of the virus cluster into four major phylogenetic lineages. Moreover, our analyses suggest that genetic recombination along with point mutations could play a significant role in shaping evolutionary history of GRSPaV and contributed to its extant genetic diversification.</p>
OCA17. Zoznam najviac 5 najvýznamnejších ohlasov na výstup / List of maximum 5 most significant citations corresponding to the output <i>Rozsah do 200 slov / Range up to 200 words</i>		<p>Navrotskaya, E; Porotikova, E; Yurchenko, E; Galbacs, ZN; Varallyay, E; Vinogradova, S. High-Throughput Sequencing of Small RNAs for Diagnostics of Grapevine Viruses and Viroids in Russia. <i>VIRUSES-BASEL</i>, 2021, 13, 12, 2432. 10.3390/v13122432</p> <p>Demian, E; Holcobaer, A; Galbacs, ZN; Jaksa-Czotter, N; Turcsan, M; Olah, R; Varallyay, E. Variable Populations of Grapevine Virus T Are Present in Vineyards of Hungary <i>VIRUSES BASEL</i>, 2021, 13, 6, 1119. 10.3390/v13061119.</p> <p>Ilbagi, H; Panailidou, P; Lotos, L; Sassalou, CL; Maliogka, V; Katis, N; Citir, AF. First report of grapevine virus T in grapevine in Turkey <i>JOURNAL OF PLANT PATHOLOGY</i>, 2021, 103, 3, 1033, 1034. 10.1007/s42161-021-00845-x.</p> <p>Reynard, JS; Brodard, J; Remoliff, E; Lefebvre, M; Schumpp, O; Candresse, TA. novel foveavirus identified in wild grapevine (<i>Vitis vinifera</i> subsp. <i>sylvestris</i>) <i>ARCHIVES OF VIROLOGY</i>, 2020, 165, 12, 2999-3002, 10.1007/s00705-020-04817-x</p> <p>Diaz-Lara, A; Golino, D; Preece, JE; Al Rwahnih, M. Development of RT-PCR degenerate primers to overcome the high genetic diversity of grapevine virus T <i>JOURNAL OF VIROLOGICAL METHODS</i>, 2020, 282, 113883, 10.1016/j.jviromet.2020.113883.</p>
OCA18. Charakteristika dopadu výstupu na spoločensko-hospodársku prax / Characteristics of the output's impact on socio-economic practice <i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i> <i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i>		<p>Vírusové ochorenia spôsobujú na viniči hroznorodom výrazné straty na úrode a znížujú kvalitu produkcie. V tejto práci sme priniesli originálne poznatky o genetickej diverzite vírusu asociovaného so žliabkovitostou kmeňa viniča rupestris (grapevine rupestris stem pitting associated virus, GRSPaV), úlohe RNA rekombinácie v jeho evolučnej histórii a potvrdili sme komplexnú štruktúru vírusovej populácie prítomnej v rastline viniča. Poznatky o molekulárnej variabilite vírusov sú nevyhnutné pri optimalizácii efektívnych kontrolných opatrení a pri vývoji citlivých a presných molekulárnych diagnostických nástrojov. / Viral diseases cause significant crop losses in grapes and reduce the quality of production. In this work, we provided original insights into the genetic diversity of the grapevine rupestris strain (GRSPaV), the role of RNA recombination in its evolutionary history, and confirmed the complex structure of the viral population present in the plant. Knowledge of the molecular variability of viruses is essential in optimizing effective control measures and in developing sensitive and accurate molecular diagnostic tools.</p>

<p>OCA19. Charakteristika dopadu výstupu a súvisiacich aktivít na vzdelávací proces / Characteristics of the output and related activities' impact on the educational process</p> <p><i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	<p>Výstup je orientovaný na oblasť molekulárnej ekológie rastlinných vírusov, genomiky a molekulárnej biológie a je viazaný na výučbu predmetov v rámci študijného programu Molekulárna biológia. Do vzdelávacieho procesu budú z tohto výstupu implementované použité laboratórne postupy a poznatky (masívne paralelné sekvenovanie, RT-PCR) a bioinformatické analýzy genomických dát. Dopady sa prejavia vo výučbe predmetov s molekulárno-biologickým obsahom./The output is focused on the field of molecular ecology of plant viruses, genomics and molecular biology and is linked to the teaching of subjects within the study program Molecular Biology. From this output, the used laboratory procedures and knowledge (massive parallel sequencing, RT-PCR) and bioinformatics analysis of genomic data will be implemented into the educational process. The effects will be reflected in the teaching of subjects with molecular-biological content.</p>
---	--

## Charakteristika predkladaného výstupu tvorivej činnosti / Characteristics of the submitted research/ artistic/other output

*Tlačivo VTC slúži na predkladanie výstupov tvorivej činnosti podľa metodiky hodnotenia tvorivých činností (časť V. Metodiky na vyhodnocovanie štandardov) / The form is used to submit the research/artistic/other outputs according to the evaluation methodology of research/artistic/other activities (part V. The Methodology for Standards Evaluation).*

ID konania/ID of the procedure: <sup>1</sup>	
Kód VTC/Code of the research/artistic/other output (RAOO): <sup>1</sup>	

OCA1. Priezvisko hodnotenej osoby / Surname awarded to the assessed person <sup>2</sup>	Glasa	
OCA2. Meno hodnotenej osoby / Name awarded to the assessed person <sup>2</sup>	Miroslav	
OCA3. Tituly hodnotenej osoby / Degrees awarded to the assessed person <sup>2</sup>	doc., Ing., DrSc./ Assoc. prof. Ing. DrSc.	
OCA4. Hyperlink na záznam osoby v Registri zamestnancov vysokých škôl / Hyperlink to the entry of the person in the Register of university staff <sup>3</sup>	<a href="https://www.portalvs.sk/regzam/detail/32350">https://www.portalvs.sk/regzam/detail/32350</a>	
OCA5. Oblašť posudzovania / Area of assessment <sup>4</sup>	3. Biológia/ 3. Biology	
OCA6. Kategória výstupu tvorivej činnosti / Category of the research/ artistic/other output <i>Výber zo 6 možností (pozri Vysvetlivky k položke OCA6) / Choice from 6 options (see Explanations for OCA6).</i>	vedecký výstup / scientific output	
OCA7. Rok vydania výstupu tvorivej činnosti / Year of publication of the research/artistic/other output	2019	
OCA8. ID záznamu v CREPC alebo CREUČ (ak je) / ID of the record in the Central Registry of Publication Activity (CRPA) or the Central Registry of Artistic Activity (CRAA) <sup>5</sup>		
OCA9. Hyperlink na záznam v CREPČ alebo CREUČ / Hyperlink to the record in CRPA or CRAA <sup>6</sup>		
Registrovaný v CREPČ alebo CREUČ / Characteristics of the output that is registered in CRPA or CRAA	OCA10. Hyperlink na záznam v inom verejne prístupnom registri, katalógu výstupov tvorivých činností / Hyperlink to the record in another publicly accessible register, catalogue of research/ artistic/other outputs <sup>7</sup>	<a href="https://doi.org/10.1099/jgv.0.001308">https://doi.org/10.1099/jgv.0.001308</a>
	OCA11. Charakteristika výstupu vo formáte bibliografického záznamu CREPČ alebo CREUČ, ak výstup nie je vo verejne prístupnom registri alebo katalógu výstupov / Characteristics of the output in the format of the CRPA or the CRAA bibliographic record, if the output is not available in a publicly accessible register or catalogue of outputs	Hajizadeh, M., Gibbs, A.J., Fahimeh, A., Glasa, M.: The gloval phylogeny of Plum pox virus is emerging. Journal of General Virology, 2019, 100, 10, 1457-1468.
	OCA12. Typ výstupu (ak nie je výstup registrovaný v CREPČ alebo CREUČ) / Type of the output (if the output is not registered in CRPA or CRAA) <i>Výber zo 67 možností (pozri Vysvetlivky k položke OCA12) / Choice from 67 options (see Explanations for OCA12).</i>	článok/ article
	OCA13. Hyperlink na stránku, na ktorej je výstup sprístupnený (úplný text, iná dokumentácia a podobne) / Hyperlink to the webpage where the output is available (full text, other documentation, etc.)	<a href="https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/jgv/10.1099/jgv.0.001308">https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/jgv/10.1099/jgv.0.001308</a>
	OCA14. Charakteristika autorského vkladu / Characteristics of the author's contribution	[25 %] senior autor, spoluautor konceptu experimentálnej časti a metodológie, vedúci príslušného výskumného projektu/ [25 %] senior author, author of the experimental concept and methodology, principal investigator of the respective scientific project

<p>OCA15. Anotácia výstupu s kontextovými informáciami týkajúcimi sa opisu tvorivého procesu a obsahu tvorivej činnosti a pod. / Annotation of the output with contextual information concerning the description of creative process and the content of the research/artistic/other activity, etc.<sup>8</sup></p> <p><i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i></p> <p><i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	
<p>OCA16. Anotácia výstupu v anglickom jazyku / Annotation of the output in English<sup>9</sup></p> <p><i>Rozsah do 200 slov / Range up to 200 words</i></p>	<p>The 206 complete genomic sequences of Plum pox virus in GenBank (January 2019) were downloaded. Their main open reading frames (ORFs) were compared by phylogenetic and population genetic methods. All fell into the nine previously recognized strain clusters; the PPV-Rec and PPV-T strain ORFs were all recombinants, whereas most of those in the PPV-C, PPV-CR, PPV-CV, PPV-D, PPV-EA, PPV-M and PPV-W strain clusters were not. The strain clusters ranged in size from 2 (PPV-CV and PPV-EA) to 74 (PPV-D). The isolates of eight of the nine strains came solely from Europe and the Levant (with an exception resulting from a quarantine breach), but many PPV-D strain isolates also came from east and south Asia and the Americas. The estimated time to the most recent common ancestor (TMRCA) of all 134 non-recombinant ORFs was 820 (865–775) BCE. Most strain populations were only a few decades old, and had small intra-strain, but large inter-strain, differences; strain PPV-W was the oldest. Eurasia is clearly the ‘centre of emergence’ of PPV and the several PPV-D strain populations found elsewhere only show evidence of gene flow with Europe, so have come from separate introductions from Europe. All ORFs and their individual genes show evidence of strong negative selection, except the positively selected pipo gene of the recently migrant populations. The possible ancient origins of PPV are discussed.</p>
<p>OCA17. Zoznam najviac 5 najvýznamnejších ohlasov na výstup / List of maximum 5 most significant citations corresponding to the output</p> <p><i>Rozsah do 200 slov / Range up to 200 words</i></p>	<p>García, J.A., Rodamilans, B., Martínez-Turiño, S., Valli, A.A., Simón-Mateo, C., Cambra, M. Plum pox virus: An overview of the potyvirus behind sharka, a harmful stone fruit disease (2025) Annals of Applied Biology, 186 (1), pp. 49-75. DOI: 10.1111/aab.12958</p> <p>Rogers, E.E., Stone, A.L., Burchard, E., Sherman, D.J., Dardick, C. Almond Can Be Infected by Plum Pox Virus-D Isolate Penn4 and Is a Transmission-Competent Host (2024) Plant Disease, 108 (6), pp. 1486-1490. DOI: 10.1094/PDIS-09-23-1910-SC</p> <p>Alburquerque, N., Pérez-Caselles, C., Faize, L., Ilardi, V., Burgos, L. Trans-grafting plum pox virus resistance from transgenic plum rootstocks to apricot scions (2023) Frontiers in Plant Science, 14, art. no. 1216217, . DOI: 10.3389/fpls.2023.1216217</p> <p>Mäkinen, K., Aspelin, W., Pollari, M., Wang, L. How do they do it? The infection biology of potyviruses (2023) Advances in Virus Research, 117, pp. 1-79. DOI: 10.1016/bs.aivir.2023.07.001</p> <p>Rabadán, M.P., Gómez, P. Global phylodynamics of two relevant aphid-transmitted viruses in cucurbit crops: cucurbit aphid-borne yellows virus and watermelon mosaic virus (2023) Phytopathology Research, 5 (1), art. no. 53, . DOI: 10.1186/s42483-023-00207-8</p>

<p>OCA18. Charakteristika dopadu výstupu na spoločensko-hospodársku prax / Characteristics of the output's impact on socio-economic practice  <i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i>  <i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	<p>Vírusové ochorenia spôsobujú na kôstkovinách (<i>Prunus</i>) výrazné straty na úrode a znižujú kvalitu produkcie. V tejto práci sme priniesli originálne poznatky o genetickej diverzite vírusu šarky slivky (<i>plum pox virus</i>), úlohe RNA rekombinácie v jeho evolučnej história a potvrdili sme komplexnú štruktúru vírusovej populácie v globálnom hľadisku. Poznatky o molekulárnej variabilite vírusov sú nevyhnutné pri optimalizácii efektívnych kontrolných opatrení a pri vývoji citlivých a presných molekulárnych diagnostických nástrojov. / Viral diseases cause significant yield losses on stone fruits (<i>Prunus</i>) and reduce the quality of production. In this work, we brought original knowledge about the genetic diversity of the plum pox virus, the role of RNA recombination in its evolutionary history, and we confirmed the complex structure of the virus population in a global perspective. Knowledge of the molecular variability of viruses is essential in the optimization of effective control measures and in the development of sensitive and accurate molecular diagnostic tools.</p>
<p>OCA19. Charakteristika dopadu výstupu a súvisiacich aktivít na vzdelávací proces / Characteristics of the output and related activities' impact on the educational process  <i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i>  <i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	<p>Výstup je orientovaný na oblasť genomiky rastlinných vírusov a ichmolekulárnej diverzity a je viazaný na výučbu predmetov v rámci študijného programu Molekulárna biológia. Do vzdelenacieho procesu budú z tohto výstupu implementované použité laboratórne postupy a poznatky (masívne paralelné sekvenovanie, Sanger sekvenovanie) a bioinformatické analýzy genomických dát. Dopady sa prejavia vo výučbe predmetov s molekulárno-biologickým obsahom./The output is focused on the field of plant virus genomics and their molecular diversity and is linked to the teaching of subjects within the study program Molecular Biology. From this output, the used laboratory procedures and knowledge (massive parallel sequencing, Sanger sequencing) and bioinformatics analysis of genomic data will be implemented into the educational process. The effects will be reflected in the teaching of subjects with molecular-biological content.</p>

## Charakteristika predkladaného výstupu tvorivej činnosti / Characteristics of the submitted research/ artistic/other output

*Tlačivo VTC slúži na predkladanie výstupov tvorivej činnosti podľa metodiky hodnotenia tvorivých činností (časť V. Metodiky na vyhodnocovanie štandardov) / The form is used to submit the research/artistic/other outputs according to the evaluation methodology of research/artistic/other activities (part V. The Methodology for Standards Evaluation).*

ID konania/ID of the procedure: <sup>1</sup>	
Kód VTC/Code of the research/artistic/other output (RAOO): <sup>1</sup>	

<i>zaregistrovaný v CREPČ alebo CREUČ / Characteristics of the output that is not registered in CRPA or CRAA</i>	OCA1. Priezvisko hodnotenej osoby / Surname awarded to the assessed person <sup>2</sup>	Glasa
	OCA2. Meno hodnotenej osoby / Name awarded to the assessed person <sup>2</sup>	Miroslav
	OCA3. Tituly hodnotenej osoby / Degrees awarded to the assessed person <sup>2</sup>	doc., Ing., DrSc./ Assoc. prof. Ing. DrSc.
	OCA4. Hyperlink na záznam osoby v Registri zamestnancov vysokých škôl / Hyperlink to the entry of the person in the Register of university staff <sup>3</sup>	<a href="https://www.portalvs.sk/regzam/detail/32350">https://www.portalvs.sk/regzam/detail/32350</a>
	OCA5. Oblasť posudzovania / Area of assessment <sup>4</sup>	3. Biológia/ 3. Biology
	OCA6. Kategória výstupu tvorivej činnosti / Category of the research/ artistic/other output <i>Výber zo 6 možností (pozri Vysvetlivky k položke OCA6) / Choice from 6 options (see Explanations for OCA6).</i>	vedecký výstup / scientific output
	OCA7. Rok vydania výstupu tvorivej činnosti / Year of publication of the research/artistic/other output	2018
	OCA8. ID záznamu v CREPČ alebo CREUČ (ak je) / ID of the record in the Central Registry of Publication Activity (CRPA) or the Central Registry of Artistic Activity (CRAA) <sup>5</sup>	
	OCA9. Hyperlink na záznam v CREPČ alebo CREUČ / Hyperlink to the record in CRPA or CRAA <sup>6</sup>	
	OCA10. Hyperlink na záznam v inom verejne prístupnom registri, katalógu výstupov tvorivých činností / Hyperlink to the record in another publicly accessible register, catalogue of research/ artistic/other outputs <sup>7</sup>	<a href="https://doi.org/10.1371/journal.pone.0197237">https://doi.org/10.1371/journal.pone.0197237</a>
	OCA11. Charakteristika výstupu vo formáte bibliografického záznamu CREPČ alebo CREUČ, ak výstup nie je vo verejne prístupnom registri alebo katalógu výstupov / Characteristics of the output in the format of the CRPA or the CRAA bibliographic record, if the output is not available in a publicly accessible register or catalogue of outputs	Morán, F., Olmos, A., Lotos, L., Predajňa, L., Katis, N., Glasa, M., Maliogka, V., Ruiz-García, A.B.: A novel specific duplex real-time RT-PCR method for absolute quantitation of Grapevine Pinot gris virus in plant material and single mites. Plos One, 2018, 13, 5, e0197237.D19:D21
	OCA12. Typ výstupu (ak nie je výstup registrovaný v CREPČ alebo CREUČ) / Type of the output (if the output is not registered in CRPA or CRAA) <i>Výber zo 67 možností (pozri Vysvetlivky k položke OCA12) / Choice from 67 options (see Explanations for OCA12).</i>	článok/ article
	OCA13. Hyperlink na stránku, na ktorej je výstup sprístupnený (úplný text, iná dokumentácia a podobne) / Hyperlink to the webpage where the output is available (full text, other documentation, etc.)	<a href="https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0197237">https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0197237</a>
	OCA14. Charakteristika autorského vkladu / Characteristics of the author's contribution	[15 %] spoluautor konceptu experimentálnej časti a metodológie, vedúci príslušného výskumného projektu/ [15 %] coauthor of the experimental concept and methodology, principal investigator of the respective scientific project

<p>OCA15. Anotácia výstupu s kontextovými informáciami týkajúcimi sa opisu tvorivého procesu a obsahu tvorivej činnosti a pod. / Annotation of the output with contextual information concerning the description of creative process and the content of the research/artistic/other activity, etc.<sup>8</sup></p> <p><i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i></p> <p><i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	
<p>OCA16. Anotácia výstupu v anglickom jazyku / Annotation of the output in English<sup>9</sup></p> <p><i>Rozsah do 200 slov / Range up to 200 words</i></p>	<p>Grapevine Pinot gris virus (GPGV) is a widely distributed grapevine pathogen that has been associated to the grapevine leaf mottling and deformation disease. With the aim of better understanding the disease epidemiology and providing efficient control strategies a specific and quantitative duplex TaqMan real-time RT-PCR assay has been developed. This method has allowed reliable quantitation of the GPGV titer ranging from 30 up to 3 x 108 transcript copies, with a detection limit of 70 viral copies in plant material. The assay targets a grapevine internal control that reduces the occurrence of false negative results, thus increasing the diagnostic sensitivity of the technique. Viral isolates both associated and non-associated to symptoms from Greece, Slovakia and Spain have been successfully detected. The method has also been applied to the absolute quantitation of GPGV in its putative transmission vector Colomerus vitis. Moreover, the viral titer present in single mites has been determined. In addition, in the current study a new polymorphism in the GPGV genome responsible for a shorter movement protein has been found. A phylogenetic study based on this genomic region has shown a high variability among Spanish isolates and points to a different evolutionary origin of this new polymorphism. The methodology here developed opens new possibilities for basic and epidemiological studies as well as for the establishment of efficient control strategies.</p>
<p>OCA17. Zoznam najviac 5 najvýznamnejších ohlasov na výstup / List of maximum 5 most significant citations corresponding to the output</p> <p><i>Rozsah do 200 slov / Range up to 200 words</i></p>	<p>Messmer, N., Bohnert, P., Askani, L., Schumacher, S., Voegele, R.T., Fuchs, R. Grapevine Pinot gris virus spreads in infected vineyards: latent infections have no direct impact on grape production (2024) <i>Virology Journal</i>, 21 (1), art. no. 178, . DOI: 10.1186/s12985-024-02453-4</p> <p>SÁRAY, R., SZATHMÁRY, E., PINCZÉS, D., ALMÁSI, A., DEÁK, T., PALKOVICS, L., SALÁNKI, K. Genetic variability of grapevine Pinot gris virus (GPGV) in an organically cultivated vineyard in Hungary (2024) <i>Phytopathologia Mediterranea</i>, 63 (2), pp. 179-190. DOI: 10.36253/phyto-14492</p> <p>Yuan, Q., Zhang, Y., Ren, F., Hu, G., Fan, X., Dong, Y. Complete genome sequencing and infectious cDNA clone construction of a Chinese isolate of grapevine Pinot gris virus (GPGV) (2024) <i>Journal of Plant Pathology</i>, . DOI: 10.1007/s42161-024-01737-6</p> <p>Kaur, K., Rinaldo, A., Lovelock, D., Rodoni, B., Constable, F. The genetic variability of grapevine Pinot gris virus (GPGV) in Australia (2023) <i>Virology Journal</i>, 20 (1), art. no. 211, . DOI: 10.1186/s12985-023-02171-3</p> <p>Messmer, N., Bohnert, P., Askani, L., Schumacher, S., Voegele, R.T., Fuchs, R. Occurrence and distribution of Grapevine pinot gris virus and other grapevine viruses in German viticultural regions (2023) <i>Journal of Plant Diseases and Protection</i>, 130 (6), pp. 1385-1399. DOI: 10.1007/s41348-023-00776-y</p>

<p>OCA18. Charakteristika dopadu výstupu na spoločensko-hospodársku prax / Characteristics of the output's impact on socio-economic practice  <i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i>  <i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	<p>Vírusové ochorenia spôsobujú na viniči hroznorodom (<i>Vitis vinifera</i>) výrazné straty na úrode a znížujú kvalitu produkcie. V tejto práci sme priniesli originálne poznatky o genetickej diverzite vírusu viniča <i>Pinot gris</i> (grapevine <i>Pinot gris</i> virus) a využitie týchto dát na vývoj a optimalizáciu špecifickej a citlivej detekcie na báze kvantitatívnej RT-PCR, ktorá bola dokonca aplikovaná na detekciu vírusu v jednotlivých vektoroch <i>Colomerus vitis</i>. Metóda je využiteľná pri optimalizácii efektívnych kontrolných opatrení . / Viral diseases cause significant yield losses on the grapevine (<i>Vitis vinifera</i>) and reduce the quality of production. In this work, we brought original knowledge about the genetic diversity of grapevine <i>Pinot gris</i> virus and the use of this data for the development and optimization of specific and sensitive detection based on quantitative RT-PCR, which was even applied to the detection of the virus in individual <i>Colomerus vitis</i> vectors. The method can be used in the optimization of effective control measures.</p>
<p>OCA19. Charakteristika dopadu výstupu a súvisiacich aktivít na vzdelávací proces / Characteristics of the output and related activities' impact on the educational process  <i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i>  <i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	<p>Výstup je orientovaný na oblasť genomiky rastlinných vírusov a ich molekulárnej diverzity a je viazaný na výučbu predmetov v rámci študijného programu Molekulárna biológia. Do vzdelávacieho procesu budú z tohto výstupu implementované použité laboratórne postupy a poznatky (qRT-PCR, masívne paralelné sekvenovanie, Sanger sekvenovanie) a bioinformatické analýzy genomických dát. Dopady sa prejavia vo výučbe predmetov s molekulárno-biologickým obsahom./The output is focused on the field of plant virus genomics and their molecular diversity and is linked to the teaching of subjects within the study program Molecular Biology. From this output, the used laboratory procedures and knowledge (qRT-PCR, massive parallel sequencing, Sanger sequencing) and bioinformatics analysis of genomic data will be implemented into the educational process. The effects will be reflected in the teaching of subjects with molecular-biological content.</p>

## Charakteristika predkladaného výstupu tvorivej činnosti / Characteristics of the submitted research/ artistic/other output

*Tlačivo VTC slúži na predkladanie výstupov tvorivej činnosti podľa metodiky hodnotenia tvorivých činností (časť V. Metodiky na vyhodnocovanie štandardov) / The form is used to submit the research/artistic/other outputs according to the evaluation methodology of research/artistic/other activities (part V. The Methodology for Standards Evaluation).*

ID konania/ID of the procedure: <sup>1</sup>	
Kód VTC/Code of the research/artistic/other output (RAOO): <sup>1</sup>	

OCA1. Priezvisko hodnotenej osoby / Surname awarded to the assessed person <sup>2</sup>	Glasa
OCA2. meno hodnotenej osoby / Name awarded to the assessed person <sup>2</sup>	Miroslav
OCA3. Tituly hodnotenej osoby / Degrees awarded to the assessed person <sup>2</sup>	doc., Ing., DrSc./ Assoc. prof. Ing. DrSc.
OCA4. Hyperlink na záznam osoby v Registri zamestnancov vysokých škôl / Hyperlink to the entry of the person in the Register of university staff <sup>3</sup>	<a href="https://www.portalvs.sk/regzam/detail/32350">https://www.portalvs.sk/regzam/detail/32350</a>
OCA5. Oblast posudzovania / Area of assessment <sup>4</sup>	Biológia/Biology
OCA6. Kategória výstupu tvorivej činnosti / Category of the research/ artistic/other output <i>Výber zo 6 možností (pozri Vysvetlivky k položke OCA6) / Choice from 6 options (see Explanations for OCA6).</i>	vedecký výstup / scientific output
OCA7. Rok vydania výstupu tvorivej činnosti / Year of publication of the research/artistic/other output	2020
OCA8. ID záznamu v CREPČ alebo CREUČ (ak je) / ID of the record in the Central Registry of Publication Activity (CRPA) or the Central Registry of Artistic Activity (CRAA) <sup>5</sup>	ID = 180744
OCA9. Hyperlink na záznam v CREPČ alebo CREUČ / Hyperlink to the record in CRPA or CRAA <sup>6</sup>	<a href="https://app.crepc.sk/?fn=detailBiblioForm&amp;sid=46F337D26E70386BCA310607C3">https://app.crepc.sk/?fn=detailBiblioForm&amp;sid=46F337D26E70386BCA310607C3</a>
OCA10. Hyperlink na záznam v inom verejne prístupnom registri, katalógu výstupov tvorivých činností / Hyperlink to the record in another publicly accessible register, catalogue of research/ artistic/other outputs <sup>7</sup>	
OCA11. Charakteristika výstupu vo formáte bibliografického záznamu CREPČ alebo CREUČ, ak výstup nie je vo verejne prístupnom registri alebo katalógu výstupov / Characteristics of the output in the format of the CRPA or the CRAA bibliographic record, if the output is not available in a publicly accessible register or catalogue of outputs	Comparative Transcriptome Analysis of Two Cucumber Cultivars with Different Sensitivity to Cucumber Mosaic Virus Infection. Šubr, Zdeno, Predajňa, Lukáš, Šoltys, Katarína, Bokor, Boris, Budiš, Jaroslav, Glasa, Miroslav. Pathogens 2020, 9, 2, 1-18.
OCA12. Typ výstupu (ak nie je výstup registrovaný v CREPČ alebo CREUČ) / Type of the output (if the output is not registered in CRPA or CRAA) <i>Výber zo 67 možností (pozri Vysvetlivky k položke OCA12) / Choice from 67 options (see Explanations for OCA12).</i>	článok/ article
OCA13. Hyperlink na stránku, na ktorej je výstup sprístupnený (úplný text, iná dokumentácia a podobne) / Hyperlink to the webpage where the output is available (full text, other documentation, etc.)	<a href="https://www.mdpi.com/2076-0817/9/2/145">https://www.mdpi.com/2076-0817/9/2/145</a>
OCA14. Charakteristika autorského vkladu / Characteristics of the author's contribution	[16.6 %] senior autor, spoluautor konceptu experimentálnej časti a metodológie, vedúci príslušného výskumného projektu/ [16.6 %] senior author, coauthor of the experimental concept and methodology, principal investigator of the respective scientific project

REUČ / Characteristics of the output that is not registered in CRPA or CRAA

<p>Charakteristika výstupu, ktorý nie je registrovaný v CREPČ alebo C</p>	<p>OCA15. Anotácia výstupu s kontextovými informáciami týkajúcimi sa opisu tvorivého procesu a obsahu tvorivej činnosti a pod. / Annotation of the output with contextual information concerning the description of creative process and the content of the research/artistic/other activity, etc.<sup>8</sup> <i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i> <i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p> <p>Vírus mozaiky uhoriek (CMV) s mimoriadne širokým spektrom hostiteľov, ktorý zahŕňa jednoklíčolistové aj dvojklíčolistové rastliny na celom svete, patrí k najvýznamnejším vírusovým hrozbám pre plodiny. Intenzívne sa skúmajú bud' prirodzené, alebo geneticky vytvorené zdroje rezistencie; na tento účel sú potrebné poznatky o molekulárnej interakcii vírusu a hostiteľa počas kompatibilnej a nekompatibilnej infekcie. K tejto téme výrazne prispievajú nové technológie a počítačová "omika" na rôznych úrovniach. V tejto práci boli testované dve odrody uhoriek s rozdielnou reakciou na výzvu CMV, t. j. citlivá cv. Vanda a rezistentný cv. Heliana. Z oboch odrôd boli pripravené transkriptom 18 dní po inoculácii CMV alebo inoculácii mockom. Následne boli vykonané štyri nezávislé porovnávacie analýzy získaných údajov. Získal sa podrobny obraz o génoch ovplyvnených CMV, ako aj o konštitutívnych rozdieloch v expresii génov špecifických pre jednotlivé kultivary. Kompatibilná CMV infekcia cv. Vanda spôsobila downreguláciu génov zapojených do fotosyntézy a indukcii génov spojených s produkciou a modifikáciou proteínov, ako aj zložiek signálnych dráh. Výzva CMV nespôsobila prakticky žiadne zmeny v transkripcnom profile cv. Heliana. Hlavné rozdiely medzi konštitutívnu transkripcnou aktivitou oboch odrôd spočívali v expresii génov zodpovedných za metyláciu, fosforyláciu, organizáciu bunkovej steny a metabolizmus sacharidov (prevládali v cv. Heliana) alebo kondenzáciu chromozómov a biosyntézu glukánov (prevládali v cv. Vanda). Predpokladala sa účasť viacerých génon na rezistentnom fenotype uhorky; to sa môže po biologickom potvrdení potenciálne uplatniť v šľachtiteľských programoch pre plodiny odolné voči vírusom.</p>
<p>OCA16. Anotácia výstupu v anglickom jazyku / Annotation of the output in English<sup>9</sup> <i>Rozsah do 200 slov / Range up to 200 words</i></p>	<p>Cucumber mosaic virus (CMV), with extremely broad host range including both monocots and dicots around the world, belongs to most important viral crop threats. Either natural or genetically constructed sources of resistance are being intensively investigated; for this purpose, exhaustive knowledge of molecular virus-host interaction during compatible and incompatible infection is required. New technologies and computer-based "omics" on various levels contribute markedly to this topic. In this work, two cucumber cultivars with different response to CMV challenge were tested, i.e., sensitive cv. Vanda and resistant cv. Heliana. The transcriptomes were prepared from both cultivars at 18 days after CMV or mock inoculation. Subsequently, four independent comparative analyses of obtained data were performed, viz. mock- and CMV-inoculated samples within each cultivar, samples from mock-inoculated cultivars to each other and samples from virus-inoculated cultivars to each other. A detailed picture of CMV-influenced genes, as well as constitutive differences in cultivar-specific gene expression was obtained. The compatible CMV infection of cv. Vanda caused downregulation of genes involved in photosynthesis, and induction of genes connected with protein production and modification, as well as components of signaling pathways. CMV challenge caused practically no change in the transcription profile of the cv. Heliana. The main differences between constitutive transcription activity of the two cultivars relied in the expression of genes responsible for methylation, phosphorylation, cell wall organization and carbohydrate metabolism (prevailing in cv. Heliana), or chromosome condensation and glucan biosynthesis (prevailing in cv. Vanda). Involvement of several genes in the resistant cucumber phenotype was predicted; this can be after biological confirmation potentially applied in breeding programs for virus-resistant crops.</p>

<p>OCA17. Zoznam najviac 5 najvýznamnejších ohlasov na výstup / List of maximum 5 most significant citations corresponding to the output</p> <p><i>Rozsah do 200 slov / Range up to 200 words</i></p>	<p>Dai, Z.; Dong, S.; Miao, H.; Liu, X.; Han, J.; Li, C.; Gu, X.; Zhang, S. Genome-Wide Identification of TIFY Genes and Their Response to Various Pathogen Infections in Cucumber (<i>Cucumis sativus</i> L.). <i>Scientia Horticulturae</i> 2022, 295, 110814.</p> <p>Király, L.; Albert, R.; Zsemberi, O.; Schwarczinger, I.; Hafez, Y.M.; Künstler, A. Reactive Oxygen Species Contribute to Symptomless, Extreme Resistance to Potato virus X in Tobacco. <i>Phytopathology®</i> 2021, 111, 1870.</p> <p>Costa, J.H.; Mohanapriya, G.; Bharadwaj, R.; Noceda, C.; Thiers, K.L.L.; Aziz, S.; Srivastava, S.; Oliveira, M.; Gupta, K.J.; Kumari, A.; Sircar, D.; Kumar, S.R.; Achra, A.; Sathishkumar, R.; Adholeya, A.; Arnholdt-Schmitt, B. ROS/RNS Balancing, Aerobic Fermentation Regulation and Cell Cycle Control – a Complex Early Trait ('CoV-MAC-TED') for Combating SARS-CoV-2-Induced Cell Reprogramming. <i>Frontiers in Immunology</i> 2021, 12, 673692.</p> <p>Arnholdt-Schmitt, B.; Mohanapriya, G.; Bharadwaj, R.; Noceda, C.; Macedo, E.S.; Sathishkumar, R.; Gupta, K.J.; Sircar, D.; Kumar, S.R.; Srivastava, S.; Adholeya, A.; Thiers, K.L.; Aziz, S.; Velada, I.; Oliveira, M.; Quaresma, P.; Achra, A.; Gupta, N.; Kumar, A.; Costa, J.H. From Plant Survival Under Severe Stress to Anti-Viral Human Defense – A Perspective That Calls for Common Efforts. <i>Frontiers in Immunology</i> 2021, 12, 673723.</p> <p>Słomnicka, R.; Olczak-Woltman, H.; Sobczak, M.; Bartoszewski, G. Transcriptome Profiling of Cucumber (<i>Cucumis sativus</i> L.) Early Response to <i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>lachrymans</i>. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> 2021, 22, 4192.</p>
<p>OCA18. Charakteristika dopadu výstupu na spoločensko-hospodársku prax / Characteristics of the output's impact on socio-economic practice</p> <p><i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i></p> <p><i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	<p>Vírus mozaiky uhorky (CMV) patrí k hospodársky najvýznamnejším patogénom poľnohospodárskych plodín. Jednou z možných spôsobov kontroly je pestovanie odolných a/alebo rezistentných odrôd. V tejto práci sme sa zamerali na porovnanie transkriptóm dvoch odrôd uhorky s rozdielnom citlivosťou voči CMV s cieľom identifikovať gény zapojené do rozdielnej odpovede rastlín na vírusovú infekciu. Hlavné rozdiely medzi konštitutívnu transkripciou aktivitou týchto odrôd spočívali v expresii génov zodpovedných za metyláciu, fosforyláciu, organizáciu bunkovej steny a metabolizmus uhľohydriátov. Po biologickom potvrdení sú poznatky aplikovateľné v šľachtiteľských programoch / Cucumber mosaic virus (CMV) is one of the most economically important pathogens of agricultural crops. One possible way of control is to grow less susceptible and / or resistant varieties. In this work, we focused on the transcriptome comparison of two cucumber varieties with different susceptibility to CMV in order to identify genes involved in the different response of plants to viral infection. The main differences between the constitutive transcriptional activity of these varieties were the expression of genes responsible for methylation, phosphorylation, cell wall organization and carbohydrate metabolism. After biological confirmation, the findings are applicable in breeding programs.</p>
<p>OCA19. Charakteristika dopadu výstupu a súvisiacich aktivít na vzdelávací proces / Characteristics of the output and related activities' impact on the educational process</p> <p><i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i></p> <p><i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	<p>Výstup je orientovaný na oblasť genomiky, molekulárnej biológie a interakcie vírus/rastlina a je viazaný na výučbu predmetov v rámci študijného programu Molekulárna biológia. Do vzdelávacieho procesu budú z tohto výstupu implementované použité laboratórne postupy a poznatky (analýza transkriptómov, masívne paralelné sekvenovanie, RT-PCR, analýza genóm) a bioinformatické analýzy genomických dát. Dopady sa prejavia vo výučbe predmetov s molekulárno-biologickým obsahom./The output is focused on the field of genomics, molecular biology and plant/virus interactions and is linked to the teaching of subjects within the study program Molecular Biology. From this output, the used laboratory procedures and knowledge (massive parallel sequencing, RT-PCR, genome analysis) and bioinformatics analysis of genomic data will be implemented into the educational process. The effects will be reflected in the teaching of subjects with molecular-biological content.</p>

## Charakteristika predkladaného výstupu tvorivej činnosti / Characteristics of the submitted research/ artistic/other output

*Tlačivo VTC slúži na predkladanie výstupov tvorivej činnosti podľa metodiky hodnotenia tvorivých činností (časť V. Metodiky na vyhodnocovanie štandardov) / The form is used to submit the research/artistic/other outputs according to the evaluation methodology of research/artistic/other activities (part V. The Methodology for Standards Evaluation).*

ID konania/ID of the procedure: <sup>1</sup>	
Kód VTC/Code of the research/artistic/other output (RAOO): <sup>1</sup>	

OCA1. Priezvisko hodnotenej osoby / Surname awarded to the assessed person <sup>2</sup>	Glasa
OCA2. meno hodnotenej osoby / Name awarded to the assessed person <sup>2</sup>	Miroslav
OCA3. Tituly hodnotenej osoby / Degrees awarded to the assessed person <sup>2</sup>	doc., Ing., DrSc./ Assoc. prof. Ing. DrSc.
OCA4. Hyperlink na záznam osoby v Registri zamestnancov vysokých škôl / Hyperlink to the entry of the person in the Register of university staff <sup>3</sup>	<a href="https://www.portalvs.sk/regzam/detail/32350">https://www.portalvs.sk/regzam/detail/32350</a>
OCA5. Oblast posudzovania / Area of assessment <sup>4</sup>	Biológia/Biology
OCA6. Kategória výstupu tvorivej činnosti / Category of the research/ artistic/other output <i>Výber zo 6 možností (pozri Vysvetlivky k položke OCA6) / Choice from 6 options</i>	vedecký výstup / scientific output
OCA7. Rok vydania výstupu tvorivej činnosti / Year of publication of the research/artistic/other output	2020
OCA8. ID záznamu v CREPČ alebo CREUČ (ak je) / ID of the record in the Central Registry of Publication Activity (CRPA) or the Central Registry of Artistic Activity (CRAA) <sup>5</sup>	ID: 172592
OCA9. Hyperlink na záznam v CREPČ alebo CREUČ / Hyperlink to the record in CRPA or CRAA <sup>6</sup>	<a href="https://app.crepc.sk/?fn=detailBiblioFormChildJREO&amp;sid=C15045651E1CB51B09E3221423&amp;seo=CREP%C4%8C-detail-%C4%8Cl%C3%A1nok">https://app.crepc.sk/?fn=detailBiblioFormChildJREO&amp;sid=C15045651E1CB51B09E3221423&amp;seo=CREP%C4%8C-detail-%C4%8Cl%C3%A1nok</a>
OCA10. Hyperlink na záznam v inom verejne prístupnom registri, katalógu výstupov tvorivých činností / Hyperlink to the record in another publicly accessible register, catalogue of research/ artistic/other outputs <sup>7</sup>	
OCA11. Charakteristika výstupu vo formáte bibliografického záznamu CREPČ alebo CREUČ, ak výstup nie je vo verejne prístupnom registri alebo katalógu výstupov / Characteristics of the output in the format of the CRPA or the CRAA bibliographic record, if the output is not available in a publicly accessible register or catalogue of outputs	High-throughput sequencing reveals bell pepper endornavirus infection in pepper (Capsicum annum) in Slovakia and enables its further molecular characterization. Tomašechová, Jana, Hančinský, Richard, Predajná, Lukáš, Kraic, Ján, Mihálik, Daniel, Šoltys, Katarína, Várvová, Silvia, Böhmer, Miroslav, Sabanadzovic, Sead, Glasza, Miroslav. Plants-Basel, 2020, 9, 1, 1-9.
OCA12. Typ výstupu (ak nie je výstup registrovaný v CREPČ alebo CREUČ) / Type of the output (if the output is not registered in CRPA or CRAA) <i>Výber zo 67 možností (pozri Vysvetlivky k položke OCA12) / Choice from 67 options (see Explanations for OCA12).</i>	článok/ article
OCA13. Hyperlink na stránku, na ktorej je výstup sprístupnený (úplný text, iná dokumentácia a podobne) / Hyperlink to the webpage where the output is available (full text, other documentation, etc.)	<a href="https://www.mdpi.com/2223-7747/9/1/41">https://www.mdpi.com/2223-7747/9/1/41</a>
OCA14. Charakteristika autorského vkladu / Characteristics of the author's contribution	[25 %] senior autor, autor konceptu experimentálnej časti a metodológie, vedúci príslušného výskumného projektu/ [25 %] senior author, author of the experimental concept and methodology, principal investigator of the respective scientific project

to CREUČ / Characteristics of the output that is not registered in CRPA or CRAA

Charakteristika výstupu, ktorý nie je registrovaný v CREPČ aleb	<p>OCA15. Anotácia výstupu s kontextovými informáciami týkajúcimi sa opisu tvorivého procesu a obsahu tvorivej činnosti a pod. / Annotation of the output with contextual information concerning the description of creative process and the content of the research/artistic/other activity, etc.<sup>8</sup></p> <p><i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i></p> <p><i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p> <p>Celková RNA zbavená ribozomálnej RNA z rastliny sladkej papriky (<i>Capsicum annuum</i>, označená ako N65) pestovanej na západnom Slovensku a vykazujúcej závažné symptómy podobné vírusu (chloróza, škvritnosť a deformácia listových platičiek) bola podrobenná HTS na platforme Illumina MiSeq. De novo zostavenie približne 5,5 milióna čítaní, po ktorom nasledovalo mapovanie na referenčné sekvencie, odhalilo koinfekciu papriky niekoľkými vírusmi, t. j. vírusom mozaiky uhorky (CMV), vírusom mozaiky melóna (WMV), kryptickým vírusom papriky 2 (PCV2) a endornavírusom papriky (BPEV). Bola stanovená kompletná polyprotein kódujuca genomická sekvencia (14,6 kb) izolátu BPEV N65. Porovnanie sekvencií BPEV-N65 s genómami BPEV dostupnými v GenBank ukázalo 86,1 % až 98,6 % identitu na úrovni nukleotidov. Blízky fylogenetický vzťah s izolátmi z Indie a Číny viedol k ich odlišnému zoskupeniu v porovnaní s ostatnými izolátmi BPEV. Ďalšia analýza odhalila prítomnosť BPEV v sladkej alebo chilli paprike získanej z rôznych zdrojov a lokalít na Slovensku (rastliny pestované v záhradách, skleníkoch alebo maloobchode). Okrem toho čiastočné sekvenovanie dvoch genomických častí z 15 izolátov BPEV odhalilo, že slovenské izoláty sa segregovali do dvoch molekulárnych skupín, čo poukazuje na geneticky odlišnú populáciu (priemerná medziskupinová nukleotidová divergencia dosahovala 12,7 %, resp. 14,5 % na základe zameranej genomickej oblasti). Vzhľadom na zmiešané infekcie BPEV-poziitívnych paprik zemiakovým vírusom Y (PVY) a/alebo CMV nebolo možné určiť potenciálnu úlohu jednotlivých vírusov v pozorovanej symptomatológii. Toto je prvý dôkaz a charakterizácia BPEV zo stredoeurópskeho regiónu.</p>
OCA16. Anotácia výstupu v anglickom jazyku / Annotation of the output in English <sup>9</sup>	<p>Rozsah do 200 slov / Range up to 200 words</p> <p>Ribosomal RNA-depleted total RNAs from a sweet pepper plant (<i>Capsicum annuum</i>, labelled as N65) grown in western Slovakia and showing severe virus-like symptoms (chlorosis, mottling and deformation of leaf lamina) were subjected to high-throughput sequencing (HTS) on an Illumina MiSeq platform. The de novo assembly of ca. 5.5 million reads, followed by mapping to the reference sequences, revealed the coinfection of pepper by several viruses; i.e., cucumber mosaic virus (CMV), watermelon mosaic virus (WMV), pepper cryptic virus 2 (PCV2) and bell pepper endornavirus (BPEV). A complete polyprotein-coding genomic sequence (14.6 kb) of BPEV isolate N65 was determined. A comparison of BPEV-N65 sequences with BPEV genomes available in GenBank showed 86.1% to 98.6% identity at the nucleotide level. The close phylogenetic relationship with isolates from India and China resulted in their distinct grouping compared to the other BPEV isolates. Further analysis has revealed the presence of BPEV in sweet or chili peppers obtained from various sources and locations in Slovakia (plants grown in gardens, greenhouse or retail shop). Additionally, the partial sequencing of two genomic portions from 15 BPEV isolates revealed that the Slovak isolates segregated into two molecular clusters, indicating a genetically distinct population (mean inter-group nucleotide divergence reaching 12.7% and 14.5%, respectively, based on the genomic region targeted). Due to the mix infections of BPEV-positive peppers by potato virus Y (PVY) and/or CMV, the potential role of individual viruses in the observed symptomatology could not be determined. This is the first evidence and characterization of BPEV from the central European region.</p>

<p>OCA17. Zoznam najviac 5 najvýznamnejších ohlasov na výstup / List of maximum 5 most significant citations corresponding to the output  <i>Rozsah do 200 slov / Range up to 200 words</i></p>	<p>Ojinaga, M.; Guirao, P.; Larregla, S. A Survey of Main Pepper Crop Viruses in Different Cultivation Systems for the Selection of the Most Appropriate Resistance Genes in Sensitive Local Cultivars in Northern Spain. <i>Plants</i> 2022, 11, 719.</p> <p>Galipienso, L.; Elvira-González, L.; Velasco, L.; Herrera-Vásquez, J.Á.; Rubio, L. Detection of Persistent Viruses by High-Throughput Sequencing in Tomato and Pepper from Panama: Phylogenetic and Evolutionary Studies. <i>Plants</i> 2021, 10, 2295.</p> <p>Feng, X.; Lai, R.-I.; Gao, M.-x.; Chen, W.-g.; Wu, R.-j.; Cheng, C.-z.; Chen, Y.-t. Characterization and complete genome sequences of two novel variants of the family Closteroviridae from Chinese kiwifruit. <i>PLOS ONE</i> 2020, 15, e0242362.</p> <p>Rubio, L.; Galipienso, L.; Ferriol, I. Detection of Plant Viruses and Disease Management: Relevance of Genetic Diversity and Evolution. <i>Frontiers in Plant Science</i> 2020, 11, 1092.</p>
<p>OCA18. Charakteristika dopadu výstupu na spoločensko-hospodársku prax / Characteristics of the output's impact on socio-economic practice  <i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i>  <i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	<p>Vírusové ochorenia spôsobujú výrazné straty na úrode a znižujú kvalitu produkcie poľnohospodárskych plodín. Táto práca je zameraná na charakterizáciu virómu papriky (<i>Capsicum annum</i>) a molekulárnu charakterizáciu perzistentného (kryptického) vírusu, bell pepper endornavirus, ktorý neboli dovedený na našom území zaznamenaný. Zároveň táto práca otvára diskusiu o úlohe pezistentných vírusov v patogenéze vírusových ochorení. Poznatky o molekulárnej variabilite vírusov sú nevyhnutné pri optimalizácii efektívnych kontrolných opatrení a pri vývoji citlivých a presných molekulárnych diagnostických nástrojov. / Viral diseases cause significant crop losses and reduce the quality of crop production. This work is focused on the characterization of the pepper virus (<i>Capsicum annum</i>) and the molecular characterization of the persistent (cryptic) virus, bell pepper endornavirus, which has not been known in our territory until then. At the same time, this work opens a discussion about the role of persistent viruses in the pathogenesis of viral diseases. Knowledge of the molecular variability of viruses is essential in optimizing effective control measures and in developing sensitive and accurate molecular diagnostic tools.</p>
<p>OCA19. Charakteristika dopadu výstupu a súvisiacich aktivít na vzdelávací proces / Characteristics of the output and related activities' impact on the educational process  <i>Rozsah do 200 slov v slovenskom jazyku / Range up to 200 words in Slovak</i>  <i>Rozsah do 200 slov v anglickom jazyku / Range up to 200 words in English</i></p>	<p>Výstup je orientovaný na oblasť genomiky, molekulárnej biológie a interakcie vírus/rastlina a je viazaný na výučbu predmetov v rámci študijného programu Molekulárna biológia. Do vzdelenávacieho procesu budú z tohto výstupu implementované použité laboratórne postupy a poznatky (masívne paralelné sekvenovanie, RT-PCR, analýza genómu) a bioinformatické analýzy genomických dát. Dopady sa prejavia vo výučbe predmetov s molekulárno-biologickým obsahom./The output is focused on the field of genomics, molecular biology and plant/virus interactions and is linked to the teaching of subjects within the study program Molecular Biology. From this output, the used laboratory procedures and knowledge (massive parallel sequencing, RT-PCR, genome analysis) and bioinformatics analysis of genomic data will be implemented into the educational process. The effects will be reflected in the teaching of subjects with molecular-biological content.</p>