

## 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>	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>	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>	
Vány v CREPČ alebo CREUČ / Characteristics of the output that is not 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>	
	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. Glasá, 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 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>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 protokoly detekcie 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 sekvencí genómu v plnej dĺžke štyroch slovenských izolátov GRSPaV určených v tejto práci a 14 databázových sekvencí ukázala, že populácie vírusu sa zoskupujú do štyroch hlavných fylogenetických línií. 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>
<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 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>
<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>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. VIRUSES-BASEL, 2021, 13, 12, 2432. 10.3390/v13122432 Demian, E; Holczbauer, A; Galbacs, ZN; Jaksa-Czotter, N; Turcsan, M; Olah, R; Varallyay, E. Variable Populations of Grapevine Virus T Are Present in Vineyards of Hungary VIRUSES BASEL, 2021, 13, 6, 1119, 10.3390/v13061119. Ilbagi, H; Panailidou, P; Lotos, L; Sassalou, CL; Maligka, V; Katis, N; Citir, AF. First report of grapevine virus T in grapevine in Turkey JOURNAL OF PLANT PATHOLOGY, 2021, 103, 3, 1033, 1034, 10.1007/s42161-021-00845-x. 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>) ARCHIVES OF VIROLOGY, 2020, 165, 12, 2999-3002, 10.1007/s00705-020-04817-x 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 JOURNAL OF VIROLOGICAL METHODS, 2020, 282, 113883, 10.1016/j.jviromet.2020.113883.</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>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 žliabkovistotou kmeňa viniča rupestris (grapevine rupestris stem pitting associated virus, GRSPaV), úlohe RNA rekombinácie v jeho evolučnej história 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 použitie 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>	

: registrovaný v CREPČ alebo CREUČ / Characteristics of the output that is registered in CRPA or CRAA	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>	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>	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	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>	ID = 70055
	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=3ACD10FFC6BBB721A0B31A95">https://app.crepc.sk/?fn=detailBiblioForm&amp;sid=3ACD10FFC6BBB721A0B31A95</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	Molecular and biological characterisation of turnip mosaic virus isolates infecting poppy ( <i>Papaver somniferum</i> and <i>P. rheas</i> ) in Slovakia. Glasa, Miroslav, Šoltys, Katarína, Predajňa, Lukáš, Sihelská, Nina, Nováková, Slavomíra, Šubr, Zdeno, Kraic, Ján, Mihálik, Daniel. <i>Viruses</i> , 2018, 10, 8, 1-11.
	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/1999-4915/10/8/430">https://www.mdpi.com/1999-4915/10/8/430</a>
	OCA14. Charakteristika autorského vkladu / Characteristics of the author's contribution	[12.5 %] Korešpondujúci a prvý autor, autor konceptu experimentálnej časti a metodológie, vedúci príslušného výskumného projektu/ [12.5 %] Corresponding and the first author, author of the experimental concept and methodology, principal investigator of the respective scientific project

Charakteristika výstupu, ktorý nie je	<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>V posledných rokoch nahromadené molekulárne údaje o izolátoch vírusu mozaiky (TuMV) z rôznych hostiteľov pochádzajúcich z rôznych častí sveta významne pomohli pochopiť genetickú zložitosť a evolučnú história vírusu. V tejto práci boli charakterizované štyri kompletné genomy TuMV (HC9, PK1, MS04, MS15) z prirodzene infikovaných pestovaných a voľne rastúcich hostiteľov Papaver spp. Fylogenetické analýzy ukázali príslušnosť slovenských izolátov Papaver k svetovej skupine B a základnej skupine B. Izolát PK1 vykazoval nový vnútroľiniový rekombinačný vzor, čo ďalej potvrdzuje dôležitosť úlohu rekombinácie pri formovaní genetickej diverzity TuMV. Biologické testy ukázali, že intenzita symptómov v experimentálne inokulovanom maku siatom súvisí s úrovňou akumulácie TuMV v listoch. Ide o prvú správu o výskete TuMV v rastlinách maku na Slovensku.</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>In recent years, the accumulated molecular data of Turnip mosaic virus (TuMV) isolates from various hosts originating from different parts of the world considerably helped to understand the genetic complexity and evolutionary history of the virus. In this work, four complete TuMV genomes (HC9, PK1, MS04, MS15) were characterised from naturally infected cultivated and wild-growing Papaver spp., hosts from which only very scarce data were available previously. Phylogenetic analyses showed the affiliation of Slovak Papaver isolates to the world-B and basal-B groups. The PK1 isolate showed a novel intra-lineage recombination pattern, further confirming the important role of recombination in the shaping of TuMV genetic diversity. Biological assays indicated that the intensity of symptoms in experimentally inoculated oilseed poppy are correlated to TuMV accumulation level in leaves. This is the first report of TuMV in poppy plants in Slovakia.</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>Laines-Hidalgo, J.I.; Muñoz-Sánchez, J.A.; Loza-Müller, L.; Vázquez-Flota, F. An Update of the Sanguinarine and Benzophenanthridine Alkaloids' Biosynthesis and Their Applications. <i>Molecules</i> 2022, 27, 1378.</p> <p>Šubr, Z.; Predajňa, L.; Šoltys, K.; Bokor, B.; Budíš, J.; Glasá, M. Comparative Transcriptome Analysis of Two Cucumber Cultivars with Different Sensitivity to Cucumber Mosaic Virus Infection. <i>Pathogens</i> 2020, 9, 145.</p> <p>Korkmaz, S.; Cevik, B.; Karanfil, A.; Onder, S.; Ohshima, K. Phylogenetic relationships and genetic structure of populations of turnip mosaic virus in Turkey. <i>European Journal of Plant Pathology</i> 2020, 156, 559.</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 na maku boli doteraz skúmané len okrajovo a poznatky o vírusových patogénoch infikujúcich čeľad' Papaveraceae sú len sporadicke. V tejto práci sme na maku siatom a viľom identifikovali a charakterizovali vírus mozaiky (TuMV) a priniesli sme originálne poznatky o genetickej diverzite vírusu. Takisto sme zistili, že intenzita príznakov korešpondovala s akumuláciou obalového proteínu v listoch. Poznatky o molekulárnej variabilite vírusov sú nevyhnutné pri optimalizácii efektívnych kontrolných opatrení a pri vývoji citlivých a presných molekulárnych diagnostických nástrojov. / Poppy viral diseases have so far been studied only marginally and knowledge about viral pathogens infecting the Papaveraceae family is only sporadic. In this work, we identified and characterized the turnip mosaic virus (TuMV) on oilseed and common poppies and brought original knowledge about the genetic diversity of the virus. We also found that the intensity of the symptoms corresponded to the accumulation of capsid protein in the leaves. 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 použitie 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>	

Istrovany v CREPČ alebo CREUČ / Characteristics of the output that is not registered in CRPA or CRAA	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>	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>	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	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>	ID = 76184
	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=73278310333F3693475B1E3B">https://app.crepc.sk/?fn=detailBiblioForm&amp;sid=73278310333F3693475B1E3B</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	Grapevine virus T is relatively widespread in Slovakia and Czech Republic and genetically diverse. Glasa, Miroslav, Predajňa, Lukáš, Sihelská, Nina, Šoltys, Katarína, Belen Ruiz-Garcia, Ana, Olmos, Antonio, Wetzel, Thierry, Sabanadzovic, Sead. Virus genes, 2018, 54, 5, 737-741.
	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://link.springer.com/article/10.1007/s11262-018-1587-7">https://link.springer.com/article/10.1007/s11262-018-1587-7</a>
	OCA14. Charakteristika autorského vkladu / Characteristics of the author's contribution	[12.5 %] Korešpondujúci a prvý autor, autor konceptu experimentálnej časti a metodológie, vedúci príslušného výskumného projektu/ [12.5 %] Corresponding and the first 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>Nedávno popísaný predpokladaný vírus viniča T (GVT), bol zistený v slovenskom viniči (SK704) pomocou vysoko výkonného sekvenovania, čo podnietilo ďalšie štúdie. Bola stanovená sekvencia genómu izolátu GVT-SK704 v plnej dĺžke. Analýzy odhalili 86,1 % identitu nukleotidov s talianskym izolátom GVT, ktorý je v súčasnosti jedinou dostupnou takmer úplной sekvenciu GVT v GenBank. Bol vyvinutý test RT-PCR špecifický pre vírus, ktorý umožnil prieskum výskytu GVT vo vzorkách viniča zo Slovenska a Českej republiky. Neočakávané sa GVT vyskytol v ~ 30 % testovaných vzoriek. Analýza kompletnej sekvencii génu CP 20 slovenských a českých izolátov GVT zistených v rámci prieskumu odhalila pomerne vysokú vnútrodruhovú variabilitu (až 11,2 % nukleotidová divergencia), čo naznačuje viacnásobné zavlečenie z rôznych zdrojov, pravdepodobne v dlhšom časovom období.</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>A recently described putative foveavirus, grapevine virus T (GVT), was detected in a Slovak grapevine accession (SK704) using high-throughput sequencing, prompting further studies. Full-length genome sequence of isolate GVT-SK704 was determined. Analyses revealed 86.1% nucleotide identity with the Italian GVT isolate, currently the only available nearly complete sequence of GVT in GenBank. A virus-specific RT-PCR assay was developed, which enabled a survey of GVT incidence in grapevine samples from Slovakia and Czech Republic. Unexpectedly, GVT was present in ~ 30% of tested samples. Analysis of complete CP gene sequences of 20 Slovak and Czech GVT isolates detected in the survey revealed relatively high intra-species variability (up to 11.2% nucleotide divergence), suggesting multiple introductions from different sources, possibly over an extended period of time.</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>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. VIRUSES-BASEL, 2021, 13, 12, 2432. 10.3390/v13122432  Demian, E; Holczbauer, A; Galbacs, ZN; Jaksa-Czotter, N; Turcsan, M; Olah, R; Varallyay, E. Variable Populations of Grapevine Virus T Are Present in Vineyards of HungaryVIRUSES BASEL, 2021, 13, 6, 1119, 10.3390/v13061119.  Ilbagi, H; Panailidou, P; Lotos, L; Sassalou, CL; Maliogka, V; Katis, N; Citir, AFirst report of grapevine virus T in grapevine in TurkeyJOURNAL OF PLANT PATHOLOGY, 2021, 103, 3, 1033, 1034, 10.1007/s42161-021-00845-x.  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>), ARCHIVES OF VIROLOGY, 2020, 165, 12, 2999-3002, 10.1007/s00705-020-04817-x.  Diaz-Lara, A; Golino, D; Preece, JE; Al Rwahnih, MDevelopment of RT-PCR degenerate primers to overcome the high genetic diversity of grapevine virus T, JOURNAL OF VIROLOGICAL METHODS, 2020, 282, 113883, 10.1016/j.jviromet.2020.113883.</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>Doteraz bolo na viniči identifikovaných viac ako 80 vírusových patogénov, z ktorých mnohé sú vysoko patogénne. V tejto práci sme získali viacero originálnych výsledkov - identifikácia nového vírusu viniča (grapevine virus T) po prvýkrát v Európe, určenie úplnej sekvencie vírusového genómu, stanovenie jeho molekulárnej variability, vývoj RT-PCR techniky na detekciu vírusu, získanie epidemiologicky relevantných údajov využiteľných pri zavádzaní fytosanitárnych opatrení / To date, more than 80 viral pathogens have been identified in the vineyard, many of which are highly pathogenic. In this work we have obtained several original results - identification of a new grapevine virus (grapevine virus T) for the first time in Europe, determination of the complete sequence of the viral genome, determination of its molecular variability, development of RT-PCR techniques for virus detection, acquisition of epidemiologically relevant data useful in phytosanitary 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</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 použitie 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 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, 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>	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>	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, Soltys, 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

<sup>1</sup>REUČ / Characteristics of the output that is not registered in CRPA or CRAA

<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 zahrňa jednoklíčnolistové aj dvojklíčnolistové rastliny na celom svete, patrí k najvýznamnejším vírusovým hrozbám pre plodiny. Intenzívne sa skúmajú buď prirodzené, alebo geneticky vytvorené zdroje rezistence; 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 inokulácii CMV alebo inokuláciu mockom. Následne boli vykonané štyri nezávislé porovnávacie analýzy získaných údajov. Získal sa podrobný 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 indukciu 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 génov na rezistentnom fenotypu 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 polnohospodárskych plodín. Jednou z možných spôsobov kontroly je pestovanie odolných a/alebo rezistentných odrôd. V tejto práci sme sa zamerali na porovnanie transkriptómu dvoch odrôd uhorky s rozdielou citlivosťou voči CMV s cieľom identifikovať gény zapojené do rozdielnej odpovede rastlín na vírusovú infekciu. Hlavné rozdiely medzi konštitutívnu transkripciou aktívitu 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 oblast' 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 (analýza transkriptómov, masívne paralelné sekvenovanie, RT-PCR, analýza genómumu) 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>	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>	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%8C1%C3%A1nok">https://app.crepc.sk/?fn=detailBiblioFormChildJREO&amp;sid=C15045651E1CB51B09E3221423&amp;seo=CREP%C4%8C-detail-%C4%8C1%C3%A1nok</a>	
O CREAČ / Characteristics of the output that is not 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>	
	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, Predajňa, Lukáš, Kraic, Ján, Mihálik, Daniel, Šoltys, Katarína, Vávrová, Silvia, Böhmer, Miroslav, Sabanadzovic, Sead, Glasa, 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

<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, škvŕnitosť a deformácia listových platničiek) bola podrobenná HTS na platforme Illumina MiSeq. De novo zostavenej 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 sekvenčí 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 pri porovnaní s ostatnými izolátmi BPEV. Ďalšia analýza odhalila prítomnosť BPEV v sladkej alebo chili paprike získanej z rôznych zdrojov a lokalít na Slovensku (rastliny pestované v záhradách, skleníkoch alebo maloobchode). Okrem toho čiastočné sekvenovanie dvoch genomických časťí 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>
<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>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.-l.; 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 vírómu papriky (<i>Capsicum annum</i>) a molekulárnu charakterizáciu perzistentného (ryptického) vírusu, bell pepper endornavirus, ktorý neboli dobytvedy na našom území zaznamenaný. Zároveň táto práca otvára diskusiu o úlohe pezristentných 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 oblast' 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 (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>