

Ari Löytynoja  
Vastuullinen tutkija  
Biotekniikan instituutti  
Ari Pekka Löytynoja / Vastuullinen tutkija  
!!Postal address:  
PL 65 (Viikinkaari 1)  
2907  
HELSINGIN YLIOPISTO  
Suomi  
!!Email: ari.loytynoja@helsinki.fi  
!!Mobile: +358503199286  
!!Phone: 0294158482



## Ansio luettelo

My background is in biology and I did my M.Sc. thesis on population genetics. During my Ph.D. I moved to computational analysis and continued on sequence analysis and methods development during my stay at the EMBL-European Bioinformatics Institute.

My research interests are in evolutionary sequence analysis, both the development of advanced analysis methods and their application to biological questions of special importance. Current topics include phylogenetic sequence alignment and homology inference for evolutionary analyses, and the development of methods for comparative analysis of high-throughput sequencing data. Many of these methods are provided for the users through the Wasabi graphical interface available at <http://wasabiapp.org>.

## Julkaisut

### Improved assembly of the *Pungitius pungitius* reference genome

Wang, D., Rastas, P., Yi, X., Löytynoja, A., Kivikoski, M., Feng, X., Reid, K. & Merilä, J., elok. 2024, julkaisussa: *G3 - Genes genomes genetics*. 14, 8, 12 Sivumäärä

### Sex chromosome turnover in hybridizing stickleback lineages

Yi, X., Wang, D., Reid, K., Feng, X., Löytynoja, A. & Merilä, J., 11 toukok. 2024, julkaisussa: *Evolution Letters*. 11 Sivumäärä

### Secondary Contact, Introgressive Hybridization, and Genome Stabilization in Sticklebacks

Feng, X., Merilä, J. & Löytynoja, A., 1 helmik. 2024, julkaisussa: *Molecular Biology and Evolution*. 41, 2, 14 Sivumäärä, msae031.

### Analysis of population structure and genetic diversity in low-variance Saimaa ringed seals using low-coverage whole-genome sequence data

Olkkonen, E. & Löytynoja, A., 15 jouluk. 2023, julkaisussa: *STAR protocols*. 4, 4, 37 Sivumäärä, 102567.

### An evolutionarily distinct ringed seal in the Ilulissat Icefjord

Rosing-Asvid, A., Löytynoja, A., Momigliano, P., Hansen, R. G., Scharff-Olsen, C. H., Valtonen, M., Kammonen, J., Dietz, R., Riget, F. F., Ferguson, S. H., Lydersen, C., Kovacs, K. M., Holland, D. M., Jernvall, J., Auvinen, P. & Olsen, M. T., marrask. 2023, julkaisussa: *Molecular Ecology*. 32, 22, s. 5932-5943 12 Sivumäärä

### Repeatability of crossover rate in wild sticklebacks

Kivikoski, M., Fraimout, A., Rastas, P., Löytynoja, A. & Merilä, J., 1 syysk. 2023, julkaisussa: *Biological journal of the Linnean Society*. 140, 1, s. 74-84 11 Sivumäärä

### Generation of de novo miRNAs from template switching during DNA replication

Mönttinen, H., Frilander, M. & Löytynoja, A., syysk. 2023, julkaisussa: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 120, 49, 9 Sivumäärä, e2310752120.

### Fragmented habitat compensates for the adverse effects of genetic bottleneck

Löytynoja, A., Rastas, P., Valtonen, M., Kammonen, J., Holm, L., Olsen, M. T., Paulin, L., Jernvall, J. & Auvinen, P., 27 maalisk. 2023, julkaisussa: *Current Biology*. 33, 6, s. 1009-+ 18 Sivumäärä

### **Predicting recombination frequency from map distance**

Kivikoski, M., Rastas, P., Löytynoja, A. & Merilä, J., maalisk. 2023, julkaisussa: *Heredity*. 130, 3, s. 114–121 8 Sivumäärä

### **Complex population history affects admixture analyses in nine-spined sticklebacks**

Feng, X., Merilä, J. & Löytynoja, A., lokak. 2022, julkaisussa: *Molecular Ecology*. 31, 20, s. 5386-5401 16 Sivumäärä

### **Thousands of human mutation clusters are explained by short-range template switching**

Löytynoja, A., elok. 2022, julkaisussa: *Genome Research*. 32, 8, s. 1437-1447 11 Sivumäärä

### **Template switching in DNA replication can create and maintain RNA hairpins**

Mönttinen, H. & Löytynoja, A., 25 tammik. 2022, julkaisussa: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 119, 4, 8 Sivumäärä, 2107005119.

### **Automated improvement of stickleback reference genome assemblies with Lep-Anchor software**

Kivikoski, M., Rastas, P., Löytynoja, A. & Merilä, J., elok. 2021, julkaisussa: *Molecular Ecology Resources*. 21, 6, s. 2166-2176 11 Sivumäärä

### **Genetic population structure constrains local adaptation in sticklebacks**

Kempainen, P., Li, Z., Rastas, P., Löytynoja, A., Fang, B., Yang, J., Guo, B., Shikano, T. & Merilä, J., toukok. 2021, julkaisussa: *Molecular Ecology*. 30, 9, s. 1946-1961 16 Sivumäärä

### **Evolutionary Sequence Analysis and Visualization with Wasabi**

Löytynoja, A. & Veidenberg, A., 2021, *Multiple Sequence Alignment*. Katoh, K. (toim.). New York: Humana press, s. 225-240 16 Sivumäärä (Methods in Molecular Biology ; painos 2231).

### **Phylogeny-Aware Alignment with PRANK and PAGAN**

Löytynoja, A., 2021, *Multiple Sequence Alignment*. Katoh, K. (toim.). New York: Humana press, s. 17-37 21 Sivumäärä (Methods in Molecular Biology ; painos 2231).

### **An inducible genome editing system for plants**

Wang, X., Ye, L., Lyu, M., Ursache, R., Löytynoja, A. & Mähönen, A. P., heinäk. 2020, julkaisussa: *Nature plants*. 6, 7, s. 766–772 24 Sivumäärä

### **A High-Quality Assembly of the Nine-Spined Stickleback (*Pungitius pungitius*) Genome**

Varadharajan, S., Rastas, P., Löytynoja, A., Matschiner, M., Calboli, F. C. F., Guo, B., Nederbragt, A. J., Jakobsen, K. S. & Merilä, J., marrask. 2019, julkaisussa: *Genome Biology and Evolution*. 11, 11, s. 3291-3308 18 Sivumäärä

### **Effects of marker type and filtering criteria on QST-FST comparisons**

Li, Z., Löytynoja, A., Fraimout, A. & Merilä, J., marrask. 2019, julkaisussa: *Royal Society Open Science*. 6, 11

### **Mechanistic insights into the evolution of DUF26-containing proteins in land plants**

Vaattovaara, A., Brandt, B., Rajaraman, S., Safronov, O., Veidenberg, A., Luklová, M., Kangasjärvi, J., Löytynoja, A., Hothorn, M., Salojärvi, J. & Wrzaczek, M., 8 helmik. 2019, julkaisussa: *Communications Biology*. 2, 18 Sivumäärä, 56.

### **Bracketing phenogenotypic limits of mammalian hybridization**

Savriama, Y., Valtonen, M., Kammonen, J. I., Rastas, P., Smolander, O.-P., Lyyski, A., Häkkinen, T. J., Corfe, I. J., Gerber, S., Salazar-Ciudad, I., Paulin, L., Holm, L., Löytynoja, A., Auvinen, P. & Jernvall, J., 28 marrask. 2018, julkaisussa: *Royal Society Open Science*. 5, 11, 12 Sivumäärä, 180903.

### **Metabarcoding gastrointestinal nematodes in sympatric endemic and non-endemic species in Ranomafana National Park, Madagascar**

Aivelo, T. J. E., Medlar, A. J., Löytynoja, A. P., Laakkonen, J. T. & Jernvall, J. T., helmik. 2018, julkaisussa: *International Journal of Primatology*. 39, 1, s. 49–64 16 Sivumäärä

**Short template switch events explain mutation clusters in the human genome**

Löytynoja, A. & Goldman, N., kesäk. 2017, julkaisussa: *Genome Research*. 27, 6, s. 1039-1049 11 Sivumäärä

**Glutton: large-scale integration of non-model organism transcriptome data for comparative analysis**

Löytynoja, A. P., Medlar, A. J. & Firmino Miraldo, A. A., 26 syysk. 2016, (Jätetty) julkaisussa: *bioRxiv : the preprint server for biology* .

**Co-estimation of Phylogeny-aware Alignment and Phylogenetic Tree**

Löytynoja, A. P., Medlar, A. J. & Li, C., 26 kesäk. 2016, (Jätetty) julkaisussa: *bioRxiv : the preprint server for biology* .

**A recurrent copy number variation of the NEB triplicate region: only revealed by the targeted nemaline myopathy CGH array**

Kiiski, K., Lehtokari, V.-L., Löytynoja, A., Ahlsten, L., Laitila, J., Wallgren-Pettersson, C. & Pelin, K., huhtik. 2016, julkaisussa: *European Journal of Human Genetics*. 24, 4, s. 574-580 7 Sivumäärä

**Wasabi: an integrated platform for evolutionary sequence analysis and data visualization**

Veidenberg, A., Medlar, A. & Löytynoja, A., huhtik. 2016, julkaisussa: *Molecular Biology and Evolution*. 33, 4, s. 1126-1130 5 Sivumäärä

**Simple chained guide trees give poorer multiple sequence alignments than inferred trees in simulation and phylogenetic benchmarks**

Tan, G., Gil, M., Löytynoja, A. P., Goldman, N. & Dessimoz, C., 13 tammik. 2015, julkaisussa: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 112, 2, s. E99-E100 2 Sivumäärä

**Tracking year-to-year changes in intestinal nematode communities of rufous mouse lemurs (*Microcebus rufus*)**

Aivelo, T., Medlar, A., Löytynoja, A., Laakkonen, J. & Jernvall, J., 2015, julkaisussa: *Parasitology*. 142, 8, s. 1095-1107 13 Sivumäärä

**Analysis of CACTA transposases reveals intron loss as major factor influencing their exon/intron structure in monocotyledonous and eudicotyledonous hosts**

Buchmann, J. P., Löytynoja, A., Wicker, T. & Schulman, A. H., 1 syysk. 2014, julkaisussa: *Mobile DNA*. 5, 15 Sivumäärä, 24.

**Cleavage of the *Drosophila* screw prodomain is critical for a dynamic BMP morphogen gradient in embryogenesis**

Künnapuu, J., Tauscher, P. M., Tiusanen, N., Nguyen, M., Löytynoja, A., Arora, K. & Shimmi, O., 15 toukok. 2014, julkaisussa: *Developmental Biology*. 389, 2, s. 149-159 11 Sivumäärä

**Phylogeny-aware alignment with PRANK**

Löytynoja, A., 2014, *Methods in molecular biology* . Humana press, Vuosikerta 1079. s. 155-170 16 Sivumäärä

**Seance: reference-based phylogenetic analysis for 18S rRNA studies**

Medlar, A., Aivelo, T. & Löytynoja, A., 2014, julkaisussa: *BMC Evolutionary Biology*. 14, 9 Sivumäärä, 235.

**Genome content of uncultivated marine Roseobacters in the surface ocean**

Luo, H., Löytynoja, A. & Moran, M. A., 1 tammik. 2012, julkaisussa: *Environmental Microbiology*. 14, 1, s. 41-51 11 Sivumäärä

**Accurate extension of multiple sequence alignments using a phylogeny-aware graph algorithm**

Löytynoja, A., Vilella, A. & Goldman, N., 2012, julkaisussa: *Bioinformatics*. 28, 13, s. 1684-1691 8 Sivumäärä

**Alignment methods: strategies, challenges, benchmarking, and comparative overview**

Löytynoja, A., 2012, *Evolutionary Genomics: Statistical and Computational Methods*. Anisimova, M. (toim.). New York: Humana press, Vuosikerta 1. s. 203-235 33 Sivumäärä (Methods in Molecular Biology; nro 855).

webPRANK: a phylogeny-aware multiple sequence aligner with interactive alignment browser  
Löytynoja, A. & Goldman, N., 2010, julkaisussa: BMC Bioinformatics. 11, 579, 6 Sivumäärä

### **Evolution. Uniting alignments and trees**

Löytynoja, A. & Goldman, N., 1 kesäk. 2009, julkaisussa: Science. 324, 5883, s. 1528-1529 2 Sivumäärä

### **A model of evolution and structure for multiple sequence alignment**

Löytynoja, A. & Goldman, N., 1 jouluk. 2008, julkaisussa: Philosophical Transactions of the Royal Society. Biological Sciences. 363, 1512, s. 3913-3919 7 Sivumäärä

### **Phylogeny-aware gap placement prevents errors in sequence alignment and evolutionary analysis**

Löytynoja, A. & Goldman, N., 1 kesäk. 2008, julkaisussa: Science. 320, 5883, s. 1632-1635 4 Sivumäärä

### **Determination and validation of principal gene products**

Tress, M., Wesselink, J., Frankish, A., López, G., Goldman, N., Löytynoja, A., Massingham, T., Pardi, F., Whelan, S., Harrow, J. & Valencia, A., 1 tammik. 2008, julkaisussa: Bioinformatics. 24, 1, s. 11-17 7 Sivumäärä

### **MATLIGN: a motif clustering, comparison and matching tool**

Kankainen, M. & Löytynoja, A., 8 kesäk. 2007, julkaisussa: BMC Bioinformatics. 8, s. 189 7 Sivumäärä

### **Analyses of deep mammalian sequence alignments and constraint predictions for 1% of the human genome**

Margulies, E., Cooper, G., Asimenos, G., Thomas, D., Dewey, C., Siepel, A., Birney, E., Keefe, D., Schwartz, A., Hou, M., Taylor, J., Nikolaev, S., Montoya-Burgos, J., Löytynoja, A., Whelan, S., Pardi, F., Massingham, T., Brown, J., Bickel, P. & Holmes, I. & 57 muuta, Mullikin, J., Ureta-Vidal, A., Paten, B., Stone, E., Rosenbloom, K., Kent, W., Bouffard, G., Guan, X., Hansen, N., Idol, J., Maduro, V., Maskeri, B., McDowell, J., Park, M., Thomas, P., Young, A., Blakesley, R., Muzny, D., Sodergren, E., Wheeler, D., Worley, K., Jiang, H., Weinstock, G., Gibbs, R., Graves, T., Fulton, R., Mardis, E., Wilson, R., Clamp, M., Cuff, J., Gnerre, S., Jaffe, D., Chang, J., Lindblad-Toh, K., Lander, E., Hinrichs, A., Trumbower, H., Clawson, H., Zweig, A., Kuhn, R., Barber, G., Harte, R., Karolchik, D., Field, M., Moore, R., Matthewson, C., Schein, J., Marra, M., Antonarakis, S., Batzoglu, S., Goldman, N., Hardison, R., Haussler, D., Miller, W., Pachter, L., Green, E. & Sidow, A., 1 kesäk. 2007, julkaisussa: Genome Research. 17, 6, s. 760-774 15 Sivumäärä

### **Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilot project**

Consortium, E. P., Birney, E., Stamatoyannopoulos, J., Dutta, A., Guigó, R., Gingeras, T., Margulies, E., Weng, Z., Snyder, M., Dermitzakis, E., Thurman, R., Kuehn, M., Taylor, C., Neph, S., Koch, C., Asthana, S., Malhotra, A., Adzhubei, I., Greenbaum, J. & Andrews, R. & 299 muuta, Flicek, P., Boyle, P., Cao, H., Carter, N., Clelland, G., Davis, S., Day, N., Dhami, P., Dillon, S., Dorschner, M., Fiegler, H., Giresi, P., Goldy, J., Hawrylycz, M., Haydock, A., Humbert, R., James, K., Johnson, B., Johnson, E., Frum, T., Rosenzweig, E., Karnani, N., Lee, K., Lefebvre, G., Navas, P., Neri, F., Parker, S., Sabo, P., Sandstrom, R., Shafer, A., Vetrie, D., Weaver, M., Wilcox, S., Yu, M., Collins, F., Dekker, J., Lieb, J., Tullius, T., Crawford, G., Sunyaev, S., Noble, W., Dunham, I., Deneud, F., Reymond, A., Kapranov, P., Rozowsky, J., Zheng, D., Castelo, R., Frankish, A., Harrow, J., Ghosh, S., Sandelin, A., Hofacker, I., Baertsch, R., Keefe, D., Dike, S., Cheng, J., Hirsch, H., Sekinger, E., Lagarde, J., Abril, J., Shahab, A., Flamm, C., Fried, C., Hackermüller, J., Hertel, J., Lindemeyer, M., Missal, K., Tanzer, A., Washietl, S., Korb, J., Emanuelsson, O., Pedersen, J., Holroyd, N., Taylor, R., Swarbreck, D., Matthews, N., Dickson, M., Thomas, D., Weirauch, M., Gilbert, J., Drenkow, J., Bell, I., Zhao, X., Srinivasan, K., Sung, W., Ooi, H., Chiu, K., Foissac, S., Alioto, T., Brent, M., Pachter, L., Tress, M., Valencia, A., Choo, S., Choo, C., Ucla, C., Manzano, C., Wyss, C., Cheung, E., Clark, T., Brown, J., Ganesh, M., Patel, S., Tammana, H., Chrast, J., Henrichsen, C., Kai, C., Kawai, J., Nagalakshmi, U., Wu, J., Lian, Z., Lian, J., Newburger, P., Zhang, X., Bickel, P., Mattick, J., Carninci, P., Hayashizaki, Y., Weissman, S., Hubbard, T., Myers, R., Rogers, J., Stadler, P., Lowe, T., Wei, C., Ruan, Y., Struhl, K., Gerstein, M., Antonarakis, S., Fu, Y., Green, E., Karaöz, U., Siepel, A., Taylor, J., Liefer, L., Wetterstrand, K., Good, P., Feingold, E., Guyer, M., Cooper, G., Asimenos, G., Dewey, C., Hou, M., Nikolaev, S., Montoya-Burgos, J., Löytynoja, A., Whelan, S., Pardi, F., Massingham, T., Huang, H., Zhang, N., Holmes, I., Mullikin, J., Ureta-Vidal, A., Paten, B., Seringhaus, M., Church, D., Rosenbloom, K., Kent, W., Stone, E., Program, N. C. S., Center, B. C. O. M. H. G. S., Center, W. U. G. S., Institute, B., Institute, C. H. O. R., Batzoglu, S., Goldman, N., Hardison, R., Haussler, D., Miller, W., Sidow, A., Trinklein, N., Zhang, Z., Barrera, L., Stuart, R., King, D., Ameur, A., Enroth, S., Bieda, M., Kim, J., Bhinge, A., Jiang, N., Liu, J., Yao, F., Vega, V., Lee, C., Ng, P., Shahab, A., Yang, A., Moqtaderi, Z., Zhu, Z., Xu, X., Squazzo, S., Oberley, M., Inman, D., Singer, M., Richmond, T., Munn, K., Rada-Iglesias, A., Wallerman, O., Komorowski, J., Fowler, J., Couttet, P., Bruce, A., Dovey, O., Ellis, P., Langford, C., Nix, D., Euskirchen, G., Hartman, S., Urban, A., Kraus, P., Van Calcar, S., Heintzman, N., Kim, T., Wang, K., Qu, C., Hon, G., Luna, R., Glass, C., Rosenfeld, M., Aldred, S., Cooper, S., Hales, A., Lin, J., Shulha, H., Zhang, X., Xu, M., Haidar, J., Yu, Y., Ruan, Y., Iyer, V., Green, R., Wadelius, C., Farnham, P., Ren, B., Harte, R., Hinrichs, A., Trumbower, H., Clawson, H., Hillman-Jackson, J., Zweig, A., Smith, K., Thakkapallayil, A., Barber,

G., Kuhn, R., Karolchik, D., Armengol, L., Bird, C., de Bakker, P., Kern, A., Lopez-Bigas, N., Martin, J., Stranger, B., Woodroffe, A., Davydov, E., Dimas, A., Eyas, E., Hallgrímsdóttir, I., Huppert, J., Zody, M., Abecasis, G., Estivill, X., Bouffard, G., Guan, X., Hansen, N., Idol, J., Maduro, V., Maskeri, B., McDowell, J., Park, M., Thomas, P., Young, A., Blakesley, R., Muzny, D., Sodergren, E., Wheeler, D., Worley, K., Jiang, H., Weinstock, G., Gibbs, R., Graves, T., Fulton, R., Mardis, E., Wilson, R., Clamp, M., Cuff, J., Gnerre, S., Jaffe, D., Chang, J., Lindblad-Toh, K., Lander, E., Koriabine, M., Nefedov, M., Osoegawa, K., Yoshinaga, Y., Zhu, B. & de Jong, P., 1 kesäk. 2007, julkaisussa: Nature. 447, 7146, s. 799-816 18 Sivumäärä

**An algorithm for progressive multiple alignment of sequences with insertions**

Löytynoja, A. & Goldman, N., 1 heinäk. 2005, julkaisussa: Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 102, 30, s. 10557-10562 6 Sivumäärä

**A hidden Markov model for progressive multiple alignment**

Löytynoja, A. & Milinkovitch, M., 1 elok. 2003, julkaisussa: Bioinformatics. 19, 12, s. 1505-1513 9 Sivumäärä

**Molecular phylogenetic analyses of the mitochondrial ADP-ATP carriers: the Plantae/Fungi/Metazoa trichotomy revisited**

Löytynoja, A. & Milinkovitch, M., 1 elok. 2001, julkaisussa: Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 98, 18, s. 10202-10207 6 Sivumäärä

**SOAP, cleaning multiple alignments from unstable blocks**

Löytynoja, A. & Milinkovitch, M., 1 kesäk. 2001, julkaisussa: Bioinformatics. 17, 6, s. 573-574 2 Sivumäärä

**Matrilinear phylogeography of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) in Europe and postglacial colonization of the Baltic Sea area**

Nilsson, J., Gross, R., Asplund, T., Dove, O., Jansson, H., Kelloniemi, J., Kohlmann, K., Löytynoja, A., Nielsen, E., Paaver, T., Primmer, C., Titov, S., Vasemagi, A., Veselov, A., Ost, T. & Lumme, J., tammik. 2001, julkaisussa: Molecular Ecology. 10, 1, s. 89-102 14 Sivumäärä