

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

An inducible genome editing system for plants

Wang, X., Ye, L., Lyu, M., Ursache, R., Löytynoja, A. & Mähönen, A. P., heinäkuuta 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., marraskuuta 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., marraskuuta 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 helmikuuta 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 marraskuuta 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., helmikuuta 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., kesäkuuta 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 syyskuuta 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 kesäkuuta 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., huhtikuuta 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., huhtikuuta 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 tammikuuta 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 syyskuuta 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 toukokuuta 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 tammikuuta 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 kesäkuuta 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 joulukuuta 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 kesäkuuta 2008, julkaisussa : Science. 320, 5883, s. 1632-1635 4 Sivumäärä

Determination and validation of principal gene products

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

MATLIGN: a motif clustering, comparison and matching tool

Kankainen, M. & Löytynoja, A., 8 kesäkuuta 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, EH., Cooper, GM., Asimenos, G., Thomas, DJ., Dewey, CN., Siepel, A., Birney, E., Keefe, D., Schwartz, AS., Hou, M., Taylor, J., Nikolaev, S., Montoya-Burgos, JI., Löytynoja, A., Whelan, S., Pardi, F., Massingham, T., Brown, JB., Bickel, P., Holmes, I. & 57 muuta, Mullikin, JC., Ureta-Vidal, A., Paten, B., Stone, EA., Rosenbloom, KR., Kent, WJ., Bouffard, GG., Guan, X., Hansen, NF., Idol, JR., Maduro, VV., Maskeri, B., McDowell, JC., Park, M., Thomas, PJ., Young, AC., Blakesley, RW., Muzny, DM., Sodergren, E., Wheeler, DA., Worley, KC., Jiang, H., Weinstock, GM., Gibbs, RA., Graves, T., Fulton, R., Mardis, ER., Wilson, RK., Clamp, M., Cuff, J., Gnerre, S., Jaffe, DB., Chang, JL., Lindblad-Toh, K., Lander, ES., Hinrichs, A., Trumbower, H., Clawson, H., Zweig, A., Kuhn, RM., Barber, G., Harte, R., Karolchik, D., Field, MA., Moore, RA., Matthewson, CA., Schein, JE., Marra, MA., Antonarakis, SE., Batzoglu, S., Goldman, N., Hardison, R., Haussler, D., Miller, W., Pachter, L., Green, ED. & Sidow, A., 1 kesäkuuta 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, ENCODE. P., Birney, E., Stamatoyannopoulos, JA., Dutta, A., Guigó, R., Gingeras, TR., Margulies, EH., Weng, Z., Snyder, M., Dermitzakis, ET., Thurman, RE., Kuehn, MS., Taylor, CM., Neph, S., Koch, CM., Asthana, S., Malhotra, A., Adzhubei, I., Greenbaum, JA., Andrews, RM. & 299 muuta, Flicek, P., Boyle, PJ., Cao, H., Carter, NP., Clelland, GK., Davis, S., Day, N., Dhami, P., Dillon, SC., Dorschner, MO., Fiegler, H., Giresi, PG., Goldy, J., Hawrylycz, M., Haydock, A., Humbert, R., James, KD., Johnson, BE., Johnson, EM., Frum, TT., Rosenzweig, ER., Karnani, N., Lee, K., Lefebvre, GC., Navas, PA., Neri, F., Parker, SC., Sabo, PJ., Sandstrom, R., Shafer, A., Vetrie, D., Weaver, M., Wilcox, S., Yu, M., Collins, FS., Dekker, J., Lieb, JD., Tullius, TD., Crawford, GE., Sunyaev, S., Noble, WS., Dunham, I., Denoeud, F., Reymond, A., Kapranov, P., Rozowsky, J., Zheng, D., Castelo, R., Frankish, A., Harrow, J., Ghosh, S., Sandelin, A., Hofacker, IL., Baertsch, R., Keefe, D., Dike, S., Cheng, J., Hirsch, HA., Sekinger, EA., Lagarde, J., Abril, JF., Shahab, A., Flamm, C., Fried, C., Hackermüller, J., Hertel, J., Lindemeyer, M., Missal, K., Tanzer, A., Washietl, S., Korb, J., Emanuelsson, O., Pedersen, JS., Holroyd, N., Taylor, R., Swarbreck, D., Matthews, N., Dickson, MC., Thomas, DJ., Weirauch, MT., Gilbert, J., Drenkow, J., Bell, I., Zhao, X., Srinivasan, KG., Sung, WK., Ooi, HS., Chiu, KP., Foissac, S., Alioto, T., Brent, M., Pachter, L., Tress, ML., Valencia, A., Choo, SW., Choo, CY., Ucla, C., Manzano, C., Wyss, C., Cheung, E., Clark, TG., Brown, JB., Ganesh, M., Patel, S., Tammanna, H., Chrast, J., Henrichsen, CN., Kai, C., Kawai, J., Nagalakshmi, U., Wu, J., Lian, Z., Lian, J., Newburger, P., Zhang, X., Bickel, P., Mattick, JS., Carninci, P., Hayashizaki, Y., Weissman, S., Hubbard, T., Myers, RM., Rogers, J., Stadler, PF., Lowe, TM., Wei, CL., Ruan, Y., Struhl, K., Gerstein, M., Antonarakis, SE., Fu, Y., Green, ED., Karaöz, U., Siepel, A., Taylor, J., Liefer, LA., Wetterstrand, KA., Good, PJ., Feingold, EA., Guyer, MS., Cooper, GM., Asimenos, G., Dewey, CN., Hou, M., Nikolaev, S., Montoya-Burgos, JI., Löytynoja, A., Whelan, S., Pardi, F., Massingham, T., Huang, H., Zhang, NR., Holmes, I., Mullikin, JC., Ureta-Vidal, A., Paten, B., Srinivasan, M., Church, D., Rosenbloom, K., Kent, WJ., Stone, EA., Program, NISC. 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, RC., Haussler, D., Miller, W., Sidow, A., Trinklein, ND., Zhang, ZD., Barrera, L., Stuart, R., King, DC., Ameer, A., Enroth, S., Bieda, MC., Kim, J., Bhang, AA., Jiang, N., Liu, J., Yao, F., Vega, VB., Lee, CW., Ng, P., Shahab, A., Yang, A., Moqtaderi, Z., Zhu, Z., Xu, X., Squazzo, S., Oberley, MJ., Inman, D., Singer, MA., Richmond, TA., Munn, KJ., Rada-Iglesias, A., Wallerman, O., Komorowski, J., Fowler, JC., Couttet, P., Bruce, AW., Dovey, OM., Ellis, PD., Langford, CF., Nix, DA., Euskirchen, G., Hartman, S., Urban, AE., Kraus, P., Van Calcar, S., Heintzman, N., Kim, TH., Wang, K., Qu, C., Hon, G., Luna, R., Glass, CK., Rosenfeld, MG., Aldred, SF., Cooper, SJ., Halees, A., Lin, JM., Shulha, HP., Zhang, X., Xu, M., Haidar, JN., Yu, Y., Ruan, Y., Iyer, VR., Green, RD., Wadelius, C., Farnham, PJ., Ren, B., Harte, RA., Hinrichs, AS., Trumbower, H., Clawson, H., Hillman-Jackson, J., Zweig, AS., Smith, K., Thakapallayil, A., Barber, G., Kuhn, RM., Karolchik, D., Armengol, L., Bird, CP., de Bakker, PI., Kern, AD., Lopez-Bigas, N., Martin, JD., Stranger, BE., Woodroffe, A., Davydov, E., Dimas, A., Eyraes, E., Hallgrímsson, IB., Huppert, J., Zody, MC., Abecasis, GR., Estivill, X., Bouffard, GG., Guan, X., Hansen, NF., Idol, JR., Maduro, VV., Maskeri, B., McDowell, JC., Park, M., Thomas, PJ., Young, AC., Blakesley, RW., Muzny, DM., Sodergren, E., Wheeler, DA., Worley, KC., Jiang, H., Weinstock, GM., Gibbs, RA., Graves, T., Fulton, R., Mardis, ER., Wilson, RK., Clamp, M., Cuff, J., Gnerre, S., Jaffe, DB., Chang, JL., Lindblad-Toh, K., Lander, ES., Koriabine, M., Nefedov, M., Osoegawa, K., Yoshinaga, Y., Zhu, B. & de Jong, PJ., 1 kesäkuuta 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 heinäkuuta 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, MC., 1 elokuuta 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, MC., 1 elokuuta 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, MC., 1 kesäkuuta 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, EE., Paaver, T., Primmer, CR., Titov, S., Vasemagi, A., Veselov, A., Ost, T. & Lumme, J., tammikuuta 2001, julkaisussa : Molecular Ecology. 10, 1, s. 89-102 14 Sivumäärä