

Curriculum Vitae

Ing. Petr Novák, PhD.

Datum narození: 13. února 1974, Tábor, Česká Republika

Adresa: Průmyslová 4, České Budějovice, 370 01, Tel: (420) 387775576, E-mail: petr@umbr.cas.cz

Vzdělání:

1994-1999 Vysoká škola chemicko-technologická, Praha, Potravinářská a biochemická fakulta

Obor: Biochemie

Diplomová práce: Vliv sacharidové složky na konformační stabilitu glykoproteinů, Vysoká škola chemicko-technologická

Titul: **Ing.**

1999-2003 Jihočeská univerzita, České Budějovice, Biologická fakulta

Obor: Molekulární a buněčná biologie

Disertační práce: Molecular genetic and biochemical analysis of genes encoding chalcone synthase and its homologues in hop (*Humulus lupulus*), Ústav molekulární biologie rostlin AV ČR

Titul: **Ph.D.**

Pracovní zkušenosti

1999-2003 Ústav molekulární biologie rostlin AV ČR, České Budějovice

Pozice: Odborný pracovník

2003-2004 Ústav molekulární biologie rostlin AV ČR, České Budějovice

Pozice: Mladší vědecký pracovník

2004-2008 Arizona Cancer Center, University of Arizona, Tucson

Pozice: Vědecký pracovník

2009- Biologické centrum AV ČR, v. v. i., Ústav molekulární biologie rostlin AV ČR, Č.Budějovice

Pozice: Vědecký pracovník

Zaměření vědecké činnosti

1999-2003 Účast na projektu zabývajícím se identifikací genů ovlivňujících syntézu hořkých kyselin u chmele v rámci řešení disertační práce na Ústavu molekulární biologie rostlin. Cílem projektu byla identifikace genů kódujících chalkonsyntáse podobné enzymy které se účastní biosyntézy důležitých sekundárních metabolitů u chmele. Výsledkem řešení projektu bylo nalezení a charakterizování několika nových genů a odpovídajících proteinů. Tyto výsledky byly zveřejněny v pěti publikacích v impaktovaných časopisech.

2003-2009 Vedení projektu, jehož náplní bylo hledání genů, jejichž exprese je ovlivněna metylací DNA u rakoviny prsu. Tento projekt by realizován na **University of Arizona** a zahrnoval použití

technologie „DNA microarrays“ a analýzu enormního množství dat. Výsledkem výzkumu bylo objevení nových epigenetických fenoménů - „Epigenetic Microdeletion“ a „Agglomerative Epigenetic Aberrations“ u rakoviny prsu.

Účast na analýze vlivu arzenu na epigenetickou informaci v souvislosti se zvýšeným rizikem rozvoje rakoviny. Tento výzkum vedl k objevení řady genů, jejichž exprese je ovlivněna aberantní metylací DNA indukovanou arzenem. Zároveň byla vyvinuta metoda analýzy DNA metylace ze vzorku moče u lidí, kteří byli vystaveni zvýšeným koncentracím arsenu.

Výsledky z pracoviště na University of Arizona byly uveřejněny dosud ve čtyřech impaktovaných publikacích a několik dalších článků je ve stadiu přípravy. Výsledky rovněž vedly k přípravě žádosti o společný grant Biologického centra s University of Arizona.

2009 - Účast na projektech Laboratoře molekulární cytogenetiky na Ústavu Molekulární biologie rostlin Biologického centra AV ČR. Analýza výsledku z masivního paralelního sekvenování několika rostlinných genomů.

Stáže

2003 EMBO stipendium, Laboratory of Biotechnology (ICAT), Fac. de Ciências de Lisboa, Portugal

Ocenění

1999 Cena Josefa Hlávky pro nejlepší studenty a absolventy pražských veřejných vysokých škol, brněnské techniky a mladé talentované pracovníky Akademie věd České republiky

Impaktované publikace

Novák, P., Jensen, T., Oshiro, M.M., Watts, G.S., Kim, C.J., Futscher, B.W.: Agglomerative epigenetic aberrations are a common event in human breast cancer. - *Cancer Res.* 68: 8616-8625, 2008. IF₍₂₀₀₇₎: 7,672

Jensen, T.J., **Novák, P.**, Eblin, K.E., Gandolfi, A.J., Futscher, B.W.: Epigenetic remodeling during arsenical-induced malignant transformation. - *Carcinogenesis* 29: 1500-1508, 2008. IF₍₂₀₀₇₎: 5,406

Vrba, L., Junk, D.J., **Novák, P.**, Futscher, B.W.: p53 induces distinct epigenetic states at its direct target promoters. - *BMC Genomics* 9: 486, 2008. IF₍₂₀₀₇₎: 4,180

Novák, P., Jensen, T., Oshiro, M.M., Wozniak, R.J., Nouzová, M., Watts, G.S., Klimecki, W.T., Kim, C., Futscher, B.W.: Epigenetic inactivation of the HOXA gene cluster in breast cancer. - *Cancer Res.* 66: 10664-10670, 2006. IF₍₂₀₀₆₎: 7,656

Novák, P., Krofta, K., Matoušek, J.: Chalcone synthase homologues from *Humulus lupulus*: some enzymatic properties and expression. - *Biol. Plant.* 50: 48-54, 2006. IF₍₂₀₀₆₎: 1,198

Matoušek, J., Vrba, L., **Novák, P.**, Patzak, J., De Keukeleire, J., Škopek, J., Heyerick, A., Roldán-Ruiz, I., De Keukeleire, D.: Cloning and molecular analysis of the regulatory factor HiMyb1 in hop (*Humulus lupulus* L.) and the potential of hop to produce bioactive prenylated flavonoids. - *J. Agric. Food Chem.* 53: 4793-4798, 2005. IF₍₂₀₀₆₎: 2,322

Novák, P., Matoušek, J., Bříza, J.: Valerophenone synthase-like chalcone synthase homologues in *Humulus lupulus*. - *Biol. Plant.* 46: 375-381, 2003. IF₍₂₀₀₆₎: 1,198

Matoušek, J., **Novák, P.**, Bříza, J., Patzak, J., Niedermeierová, H.: Cloning and characterisation of chs-specific DNA and cDNA sequences from hop (*Humulus lupulus* L.). - *Plant Sci.* 162: 1007-1018, 2002. IF₍₂₀₀₆₎: 1,631

Matoušek, J., **Novák, P.**, Patzak, J., Bříza, J., Krofta, K.: Analysis of true chalcone synthase from *Humulus lupulus* L. and biotechnology aspects of "medicinal hops". - *Rostl. výr.* 48: 7-14, 2002. IF₍₂₀₀₄₎: 0,170

Počet citací bez autocitací - 32 k datu 4.3.2009

Účast na mezinárodních vědeckých konferencích

Novák P., Matoušek J., A novel homologue of chalcone synthase from hop (*Humulus lupulus* L.). 4th International symposium in the series Recent Advances in plant biotechnology. 17-21.9.2001, Třeboň, Czech Republic

Matoušek J., **Novák P.**, Enzymatic properties and expression of chalcone synthase homologues from *Humulus lupulus*. Scientific Commission of the International Hop Growers' Convention Zalec-Dobrna, Slovenia, 24-27 June, 2003

Novak P., Jensen T, Oshiro M, Wozniak R, Nouzova M, Watts G, Klimecki W, Kim C, Futscher B. The aberrant epigenetic profile of the HOXA gene cluster in human breast cancer. AACR Cancer Center Oral Presentation and Poster Symposium, San Diego, CA USA, April 2007.

Připravované publikace

Novák P., Jensen TJ, Garbe J, Stampfer MR, Futscher BW. Step-wise DNA methylation changes are linked to escape from defined proliferation barriers and mammary epithelial cell immortalization. *Cancer Research*, Submitted, 2009.