

---

Dr. Habil. **Ari Eszter**

## Bioinformatikus kutató, Egyetemi oktató

[arieszter@gmail.com](mailto:arieszter@gmail.com)

Személyes weboldalak: a [Szegei Biológiai Kutatóközpontban](#);  
az [Eötvös L. Tudományegyetemen](#)

Csoport weboldal: [Bioinformatika Kutatócsoport az Eötvös L. Tudományegyetemen](#)

Publikus helyek: [Researchgate](#); [ORCID](#); [ResearcherID](#); [Scopus](#); [MTMT](#); [Twitter](#)

## MUNKAHELYEK

### **Tudományos munkatárs – Eötvös Loránd Kutatóhálózat (ELKH), Szegei Biológiai Kutatóközpont (SZBK), Biokémiai Intézet, Szeged, H**

2016 - Az antibiotikum rezisztencia evolúciójának kutatása összehasonlító genomikai és metagenomikai módszerek segítségével, Papp Balázs csoportjában. 2019 óta projektvezetőként.

Magyarország, 6726, Szeged, Temesvári krt. 62.

### **Tudományos munkatárs – Hungarian Centre of Excellence for Molecular Medicine (HCEMM), Metabolikus Rendszerbiológia Kutatócsoport, Szeged, H**

2019 -

### **Egyetemi adjunktus – ELTE Eötvös Loránd Tudományegyetem, Genetikai Tanszék, Budapest, H**

2019 - Többféle bioinformatikai kurzus fejlesztése és oktatása MSc és PhD hallgatók számára, szakdolgozati és PhD témavezetés.

Magyarország, 1117, Budapest, Pázmány Péter stny. 1/C

2009 - 2019 tanársegéd

2007 - 2009 tudományos segédmunkatárs

### **Posztdoktor kutató – Állatorvostudományi Egyetem (Vet-Med), Populációgenetikai Intézet, Bécs, A**

2012 - 2014 Különböző hőmérsékletre adaptálódott muslica populációk RNA-Seq adatainak feldolgozása, Christian Schlötterer csoportjában.

## DIPLOMÁK, FOKOZATOK

### **Habilitáció – ELTE Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest, H**

2023 A tudományos előadás címe: *Molekuláris filogenetikai modellrendszer alkalmazása az evolúcióbiológiai kutatásokban*

---

## PhD – Biológia Doktori Iskola, ELTE Eötvös Loránd Tudományegyetem, Budapest, H

Fokozatszerzés 2012 Elméleti- és Evolúcióbiológia Doktori Program

Cím: [Molekuláris filogenetikai elemzések egy diszkrét matematikai módszer, a Boole analízis segítségével](#); Témavezető: Éna Jakó; értékelés: *summa cum laude*

## Egyetemi diploma (osztatlan képzés) – Szent István Egyetem (SZIE), Állatorvostudományi Kar, Budapest, H

1999 - 2004 Alkalmazott Zoológus Szak, értékelés: *cum laude*

## DÍJAK és ÖSZTÖNDÍJAK

- Az ELTE Egyetemi Kiválósági Alap [Kiemelkedő tudományos publikáció díja](#), 2022, Budapest
- Junior fellowship, Collegium Budapest – Institute for Advanced Study, 2009, Budapest
- Az Állatorvostudományi Kar Ösztöndíja, Szent István Egyetem, 2003 - 2004, Budapest
- 2. helyezés az Állatorvostudományi Kar TDK Konferenciáján, Szent István Egyetem, 2003, Budapest

## PÁLYÁZATOK

- NKFIH OTKA PD; 2020 - 2023; Szerep: Vezető kutató; Cím: *Hogyan jönnek létre a "szuperbaktériumok"? - Rezisztencia- és virulenciagének átadásának szisztematikus vizsgálata a humán mikrobiom és patogén baktériumok között*; szám: [131839](#); 25 500 000 Ft
- Kiemelten magas színvonalú oktatási tevékenység támogatása, Eötvös Loránd Tudományegyetem; 2020; Szerep: Vezető kutató; Cím: *Számítógépes oktatási termében lévő infrastruktúra fejlesztése*; 4 000 000 Ft
- Visegrad 4 Eastern Partnership (V4Eap); 2014 - 2015; Szerep: Témavezető; Zeljko Popovic ösztöndíjához kapcsolódva; Cím: *DORMANCYbase – developing a database on gene and protein expression during dormancy in animals*; 3 000 EUR

## OKTATÁS

### Jelenleg:

- [Bioinformatika](#) (EA, GY; EN, HU) – MSc hallgatóknak (az előadások és gyakorlatok fele)
- Bioinformatikai szemináriumok (EA; EN) – PhD hallgatóknak
- [Haladó R programozás biológusoknak](#) (GY; EN) – MSc hallgatóknak (a gyakorlatok fele)
- [Omikai adatok elemzése](#) (GY; EN) – MSc hallgatóknak (a gyakorlatok fele)

### Korábban:

- [Bevezetés a bioinformatikába](#) (EA; HU) – BSc hallgatóknak (jelenleg egy előadás)
- Alapozó bioinformatika (EA; HU) – BSc hallgatóknak

- 
- Genetika gyakorlat (néhány GY; HU) – BSc hallgatóknak
  - Genomika (néhány EA; EN, HU) – MSc hallgatóknak
  - Molekuláris Evolúció (néhány, EA; HU) – MSc hallgatóknak
  - Evolúcióbiológia (néhány, EA; HU) – MSc hallgatóknak
  - Diszkrét matematikai módszerek a biológiában (EA, GY; HU) – MSc és PhD hallgatóknak

#### Jegyzet:

- [Genetikai gyakorlatok](#): 7. Bioinformatika – Genetikai betegségek megismerése és kimutatása (HU)

## TÉMAVEZETÉS

- [Személyes lap az Országos Doktori Tanács honlapján](#)
- **Végzett hallgatók:** 1 társ-témavezetett PhD, 13 MSc és 9 BSc hallgató
- **Folyamatban lévő témavezetések:** 5 társ-témavezetett PhD

## EGYÉB OKTATÁSSAL KAPCSOLATOS TEVÉKENYSÉG

- Doktori disszertáció bíráló (1); Doktori védésen titkár (3); Doktori védésen bizottsági tag (5); Komplex vizsgán vizsgáztató (5); Záróvizsgáztatás (4); Országos Tudományos Diákköri Konferencián zsűritag (3)
- ELTE Molekuláris genetika, sejt- és fejlődésbiológia MSc specializáció felelős

## WORKSHOPOK – OKTATÓKÉNT

- *Practical Course on Next Generation Sequencing for Population Genetics and Experimental Evolution*, Vetmeduni Bécs, Ausztria; 2014; RNA-Seq adatelemzés gyakorlat

## FONTOSABB WORKSHOPOK – RÉSZTVEVŐKÉNT

- *An R Reproducibility Toolkit for the practical researcher*, online, 2022
- *8th International Course in Microbial Ecology – Microbiome Metagenome Analysis*, CNR-ISE, Verbania, I; 2017
- *Bioinformatics and Comparative Genome Analyses* – EMBO course, Inst. Pasteur Paris, F; 2011
- *Computational Phyloinformatics Course* – Duke Univ., Durham, NC, USA; 2008
- *Workshop on Molecular Evolution* – Marine Biological Lab., Woods Hole, MA, USA; 2006

---

## TAGSÁGOK

- [Magyar Bioinformatikai Társaság](#), 2006 – tag, 2016 – elnökségi tag
- [Magyar Tudományos Akadémia, Bioinformatikai Osztályközi Tudományos Bizottság](#), 2021 – szavazati jogú bizottsági tag
- Magyar Tudományos Akadémia, 2013 – köztestületi tag (azonosító: [31344](#))

## IDEGEN NYELVEK

- Angol – tárgyalási szint (C1, középfokú nyelvvizsga)
- Olasz – alapfokú nyelvvizsga

## ÉRDEKLŐDÉSI TERÜLET

- Bioinformatika; Evolúcióbiológia; Összehasonlító genomika; Molekuláris filogenetika; Metagenomika; Transzkriptomika

## SZAKMAI KÉSZSÉGEK

- Különböző bioinformatikai módszerek, szoftverek és pipeline-ok professzionális használata és fejlesztése.
- *R* programozási nyelv – professzionális szint
- *Linux Shell* szkriptek – haladó szint

## BÍRÁLÓI TEVÉKENYSÉG

- Folyóiratok: *Brief. Bioinformatics* (3); *Evol. Biol.* (1); *Genome Biol. Evol.* (1); *J. Math. Chem.* (4); *Mol. Ecol.* (1); *Mol. Phylogenetics Evol.* (1); *Sci. Rep.* (1); *Opusc. Zool.* (1); *Plos One* (2)
- PhD disszertáció: (1)
- Pályázatok: NKFI OTKA (3)
- OTDK zsűri tag (3)

## TUDOMÁNYNÉPSZERŰSÍTÉS

- [ELTEFeszt TTK előadás](#): Lesz-e a *coliból* superbaktérium? 2022, Budapest
- [A magyarországi COVID-járványt meghatározó vírusváltozatok genetikai vizsgálata](#) weboldal létrehozása
- Tudományok Fővárosa előadás: [A magyar koronavírus genomok evolúciós vizsgálata](#), 2020, Budapest
- [Kutatók Éjszakája előadás](#), 2018 és 2020

---

## SZAKMAI WEBOLDAL

A [TFLink](#) transzkripciófaktor - célgén adatbázis létrehozásának irányítása.

## KONFERENCIA ELŐADÁSOK

**Nemzetközi konferencia előadások száma: 9; Magyar nyelvű konferencia előadások száma: 4; Meghívott előadóként\*: 3**

Ari E, et al. (2022) Global map of evolutionary dependencies between antibiotic resistance and virulence genes in *E. coli*. [1st Bioinformatics and Data Science in Genomic Studies \(BDG2022\)](#) online conference, november 25, Debreceni Egyetem, H

Ari E, et al. (2022) [Lesz-e az \*E. coli\*-ból szuperbaktérium? – Az antibiotikum-rezisztencia- és virulenciagének evolúciós függőségeinek vizsgálata.](#) *Bioinformatika, a Magyar Tudomány Ünnepe*n, november 11, Budapest, H

Ari E\*, Kintsés B (2020) A mikrobiom vizsgálati módszerei és az eredmények értelmezése. *Magyar Gasztroenterológiai Társaság, Colon Szekció 2020. évi Tudományos Ülés*, március 6-7, Visegrád, H

Ari E, et al. (2019) Phylogenetic barriers to horizontal transfer of antimicrobial peptide resistance genes in the human gut microbiota. *EvolBiol Day*, április 17, Szeged, H

Ari E\*, et al. (2018) Vajon mennyire terjednek az antimikrobiális peptid rezisztencia gének? *Bioinformatika, a Magyar Tudomány Ünnepe*n, november 16, Budapest, H

Ari E: (2017) MulEA – A tool for multi enrichment analysis, *2nd Interdisciplinary Signaling Workshop*, július 17-21, Visegrád, H

Ari E\*: (2012) Molecular phylogenetic reconstructions with a discrete mathematical method, the Boolean analysis. *A Magyar Mikrobiológiai Társaság 2012. évi Nagygyűlése*, október 24-26, Keszthely, H

Ari E & Jakó É (2012) Comparison of Boolean analysis and standard phylogenetic methods using artificially evolved and natural mt-tRNA sequences from great apes. *9th Joint Conference on Mathematics and Computer Science*, február 9-12, Siófok, H

Ari E, et al. (2007) Boolean analysis: A new discrete mathematical method for phylogenetic reconstruction. *From Molecular Informatics to Bioinformatics – International Symposium*, április 19-21, Collegium Budapest, H

Ari E & Jakó É (2007) Testing a new discrete mathematical method for phylogenetic reconstruction. *Evolution 2007 Conference*, június 16-20, Christchurch, NZ

Ari E & Jakó É (2007) Testing a new discrete mathematical method for phylogenetic reconstruction. *The Dumont D'Urville Workshop on Applied Evolutionary Bioinformatics*, Június 24-27, Kaikoura, NZ

---

Ari E, et al. (2007) Törzsfa-rekonstrukció diszkrét matematikai módszer segítségével. *Molekuláris taxonómiai, filogenetikai és filogeográfiai kutatások Magyarországon, Szakmai találkozó, Diószegi Sámuel emlékére*, november 17, Debrecen, H

Ari E (2006) Reconstructing the phylogenetic tree of great apes by using a new discrete mathematical method. *12th Annual European Meeting of PhD students in Evolutionary Biology*, szeptember 4-9, St. Andrews, UK

## EGYÉB MEGHÍVOTT ELŐADÁSOK

Ari E\* (2017) Investigating the antimicrobial peptide resistome in the human gut microbiome: a metagenomic approach. *University of Graz, Institute of Zoology*, november 15, Graz, A

Ari E\*: (2015) Rapid evolution of phenotypic plasticity during experimental evolution of *Drosophila*. *The Genome Analysis Centre*, február 23, Norwich, UK

## KONFERENCIA POSZTER PREZENTÁCIÓK

### Nemzetközi konferencia poszterek száma: 8

Ari E, et al. (2023) Global map of evolutionary dependencies between antibiotic resistance and virulence genes in *E. coli*, [EMBO Workshop: Predicting evolution](#), július 11-14, Heidelberg, Germany

Ari E, et al. (2022) [Global map of evolutionary dependencies between antibiotic resistance and virulence genes in E. coli](#). [Lake Arrowhead Microbial Genomics Conference](#), szeptember 11-15, Lake Arrowhead, CA, USA

Rutka M, Szántó K, Bacsur P, Resál T, Jójárt B, Bálint A, Ari E, Kintses B, Fehér T, Asbóth A, Pigniczki D, Bor R, Fábíán A, Farkas K, Maléth J, Szepes Z & Molnár T (2022) [P713 Gut Microbiota Alterations after Bowel Preparation amongst Inflammatory Bowel Disease Patients](#). *Journal of Crohn's and Colitis*, 16 (Supplement\_1): i609, Q1, IF: 9.07

Ari E, et al. (2019) [Phylogenetic barriers to horizontal transfer of antimicrobial peptide resistance genes in the human gut microbiota](#). *Gordon Research Conference on Molecular Mechanisms in Evolution*, június 9-14, Easton, MA, USA

Ari E, et al. (2019) [Phylogenetic barriers to horizontal transfer of antimicrobial peptide resistance genes in the human gut microbiota](#). *Gordon Research Seminar on Molecular Mechanisms in Evolution*, június 8-9, Easton, MA, USA

Ari E & Jakó É (2015) Graph-based generalized Boolean descriptors for classification of biological macromolecules. *Conferentia Chemometrica*, szeptember 13-16, Budapest, H

Ari E et al. (2015) Rapid evolution of phenotypic plasticity during experimental evolution of *Drosophila*. *Annual Meeting of the Society for Molecular Biology and Evolution*, július 12-16, Vienna, Austria

Ari E, et al. (2006) Testing a new discrete mathematical method for reconstructing the great apes phylogeny based on mitochondrial tRNAs. *Evolution of Biomolecular Structure*, május 25-27, Vienna, Austria

---

## PUBLIKÁCIÓK

Publikációk száma: 25 (D1: 15 +Q1: 4), Kumulatív impact factor (IF): 145.88, Független idézők (IC): 374, h-index: 11

[MTMT \(10020542\)](#), [Google Scholar](#)

### Megjelenés előtt

Daruka L, Czikkely MS, Szili P, Farkas Z, Balogh D, Maharramov E, Vu TH, Sipos L, Vincze BD, Grézal G, Juhász Sz, Dunai A, Daraba A, Számel M, Sári T, Stirling T, Vásárhelyi BM, [Ari E](#), Christodoulou C, Manczinger M, Enyedi MZs, Jaksa G, van Houte S, Pursey E, Papp CG, Szilovics Z, Pintér L, Haracska L, Gácser A, Kintses B, Papp B, Pál Cs (2023) Antibiotics of the future are prone to resistance in Gram-negative pathogens. *bioRxiv*, 23 July, [10.1101/2023.07.23.550022](#).

Sturm Á, Saskói É, Hotzi B, Tarnóci A, Barna J, Bodnár F, Sharma H, Kovács T, [Ari E](#), Weinhardt N, Kerepesi C, Perczel A, Ivics Z, Vellai T (2023) Downregulation of transposable elements extends lifespan in *Caenorhabditis elegans*. *Nature Communications* (elfogadva) **D1, IF: 16.6**

### Megjelent

Gerber D, Szeifert B, Székely O, Egyed B, Gyuris B, Giblin JI, Horváth A, Köhler K, Kulcsár G, Kustár Á, Major I, Molnár M, Palcsu L, Szeverényi V, Fábián S, Mende BG, Bondár M, [Ari E](#)\*, Kiss V\*, Szécsényi-Nagy A\* (2023) [Interdisciplinary analyses of Bronze Age communities from Western Hungary reveal complex population histories](#). *Molecular Biology and Evolution*, msad182 (preprint: *bioRxiv*, 2022, [10.1101/2022.02.03.478968](#)) **D1, IF: 10.7, IC: 1** (\*megosztott levelező szerző)

Bacsur P, Rutka M, Resál T, Szántó K, Jójárt B, Bálint A, [Ari E](#), Walliyulah A, Kintses B, Fehér T, Asbóth A, Pigniczki D, Bor R, Fábián A, Maléth J, Szepes Z, Farkas K, Molnár T (2023) [Effects of bowel cleansing on the composition of the gut microbiome in inflammatory bowel disease patients and healthy controls](#). *Therapeutic Advances in Gastroenterology*, 16: 1-13. **Q1, IF: 4.2, IC: 1**

[Ari E](#), Vásárhelyi BM, Kemenesi G, Tóth GE, Zana B, Somogyi B, Lanszki Z, Röst G, Jakab F, Papp B, Kintses B (2022) [A single early introduction governed viral diversity in the second wave of SARS-CoV-2 epidemic in Hungary](#). *Virus Evolution*, 8(2): veac069. **Q1, IF: 5.3, IC: 1**

Csabai L\*, Fazekas D\*, Kadlecsik T\*, Szalay-Bekő M, Bohár B, Madgwick M, Módos D, Ölbei M, Gul L, Sudhakar P, Kubisch J, Oyeyemi OJ, Liska O, [Ari E](#), Hotzi B, Billes VA, Molnár E, Földvári-Nagy L, Csályi K, Demeter A, Pápai N, Koltai M, Varga M, Lenti K, Farkas IJ, Türei D, Csermely P, Vellai T, Korcsmáros T (2022) [Signalink3: A multi-layered resource to uncover tissue-specific signaling networks](#). *Nucleic Acids Research*, 50(D1): gkab909. **D1, IF: 14.9, IC: 13**

- 
- Liska O, Bohár B, Hidas H, Korcsmáros T, Papp B, Fazekas D, [Ari E\\*](#) (2022) [TFLink: An integrated gateway to access transcription factor - target gene interactions for multiple species](#). *Database*, baac083. **D1, IF: 5.8, IC: 7 (\*levelező szerző)**
- Bálint A, Farkas K, Kintses B, Méhi O, Vásárhelyi BM, [Ari E](#), Pál C, Madácsy T, Maléth J, Szántó KJ, Nagy I, Rutka M, Bacsur P, Szűcs D, Szepes Z, Nagy F, Fábíán A, Bor R, Milassin Á, Molnár T (2020) [Functional anatomical changes in ulcerative colitis patients determine their gut microbiota composition and consequently the possible treatment outcome](#). *Pharmaceuticals*, 13(11): 346-362. **D1, IF: 5.68, IC: 10**
- Kintses B, Jangir PK, Fekete G, Számel M, Méhi O, Spohn R, Daruka L, Martins A, Hosseinnia A, Gagarinova A, Kim S, Phanse S, Csörgő B, Györkei Á, [Ari E](#), Lázár V, Faragó A, Nagy I, Babu M, Pál C & Papp B (2019) [Chemical-genetic profiling reveals limited cross-resistance between antimicrobial peptides with different modes of action](#). *Nature Communications*, 10: 5731. **D1, IF: 12.12, IC: 22**
- Kintses B\*, Méhi O\*, [Ari E\\*](#), Számel M, Györkei Á, Jangir PK, Nagy I, Pál F, Fekete G, Tengölics R, Nyerges Á, Likó I, Bálint A, Molnár T, Bálint B, Vásárhelyi BM, Bustamante M, Papp B & Pál C (2019) [Phylogenetic barriers to horizontal transfer of antimicrobial peptide resistance genes in the human gut microbiota](#). *Nature Microbiology*, 4(3): 447-458. *It has been recommended in F1000Prime as being of special significance in its field by Craig MacLean. It was selected as a part of the Nature Gut Microbiota core collection.* **D1, IF: 15.54, IC: 60 (\*megosztott elsőszerzők)**
- Sudhakar P, Claire-Jacomín A, Hautefort I, Samavedam S, Fatemian K, [Ari E](#), Gul L, Demeter A, Jones E, Korcsmáros T & Nezis JP (2019) [Targeted interplay between bacterial pathogens and host autophagy](#). *Autophagy*, 15(9): 1620-1633. **D1, IF: 11.06, IC: 32**
- Sun D, Ren X, [Ari E](#), Korcsmáros T, Csermely P & Wu L-Y (2019) [Discovering cooperative biomarkers for heterogeneous complex disease diagnoses](#). *Briefings in Bioinformatics*, 20(1): 89-101. **D1, IF: 9.10, IC: 10**
- Nyerges Á, Csörgő B, Draskovits G, Kintses B, Szili P, Ferenc Gy, Révész T, [Ari E](#), Nagy I, Bálint B, Vásárhelyi BM, Bihari P, Számel M, Balogh D, Papp H, Kalapis D, Papp B & Pál C (2018) [Directed evolution of multiple genomic loci allows the prediction of antibiotic resistance](#). *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 115(25): E5726-E5735. **D1, IF: 9.58, IC: 54**
- Fodor E, Sigmund T, [Ari E](#), Lengyel K, Takács-Vellai K, Varga M & Vellai T (2017) [Methods to study autophagy in zebrafish](#). *Methods in Enzymology* 588: 467-96. **Q1, IF: 1.48, IC: 17**
- Métris A, Sudhakar P, Fazekas D, Demeter A, [Ari E](#), Ölbei M, Branchu P, Kingsley RA, Baranyi J & Korcsmáros T (2017) [SalmoNet. an integrated network of ten Salmonella enterica strains reveals common and distinct pathways to host adaptation](#). *Npj Systems Biology and Applications* 3(1): s41540-17-34-NaN-17. **D1, IF: 3.81, IC: 22**
- Ricotta C, [Ari E](#), Bonanomi G, Giannino F, Heathfield D, Mazzoleni S & Podani J (2017) [Spatial analysis of phylogenetic community structure: New version of a classical method](#). *Community Ecology*. 18(1): 37-46. (preprint: 2015, PeerJ PrePrints e1145) **Q2, IF: 0.98, IC: 2**



- 
- Ács É, [Ari E](#), Duleba M, Dressler M, Genkal SI, Jakó É, Rimet F, Ector L & Kiss KT (2016) [Pantocsekiella, a new centric diatom genus based on morphological and genetic studies](#). *Fottea* 16(1): 56-78. **Q2, IF: 0.6, IC: 41**
- [Ari E\\*](#) & Jakó É (2016) [Classification of tRNA isoacceptor sequences by using graph-based molecular descriptors](#). *Journal of Chemometrics* 30(1): 182-187. **Q2, IF: 2.03 (\*levező szerző)**
- Módos D, Brooks J, Fazekas D, [Ari E](#), Vellai T, Csermely P, Korcsmáros T & Lenti K (2016) [Identification of critical paralog groups with indispensable roles in the regulation of signaling flow](#). *Scientific Reports* 6: 38588 **D1, IF: 4.62, IC: 6**
- Földvári-Nagy L, [Ari E](#), Csermely P, Korcsmáros T & Vellai T (2014) [Starvation-response may not involve Atg1-dependent autophagy induction in non-unikont parasites](#). *Scientific Reports* 4: 5829. **D1, IF: 5.85, IC: 15**
- [Ari E\\*](#), Ittész P, Podani J, Le Thi QC & Jakó É (2012) [Comparison of Boolean analysis and standard phylogenetic methods using artificially evolved and natural mt-tRNA sequences from great apes](#). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 63(1): 193-202. **D1, IF: 4.42, IC: 5 (\*levező szerző)**
- Boros G, Cech G, [Ari E](#) & Dózsa-Farkas K (2010) [Extension of employing ITS region in the investigation of Hungarian \*Fridericia\* species \(Oligochaeta: Enchytraeidae\)](#). *Zoology in the Middle East* 51(sup2): 23-30. **Q3, IF: 0.3, IC: 2**
- Tihanyi B, Vellai T, Regős Á, [Ari E](#), Müller F & Takács-Vellai K (2010) [The \*C. elegans\* Hox gene \*ceh-13\* regulates cell migration and fusion in a non-colinear way. Implications for the early evolution of Hoxclusters](#). *BMC Developmental Biology* 10(1): 78-92. **Q1, IF: 2.78, IC: 24**
- Jakó É, [Ari E](#), Ittész P, Horváth A & Podani J (2009) [BOOL-AN: A method for comparative sequence analysis and phylogenetic reconstruction](#). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 52(3): 887-897. **D1, IF: 3.88, IC: 29**
- [Ari E](#), Ittész P, Podani J & Jakó É (2008) [Törzsfa-rekonstrukció diszkrét matematikai módszer segítségével](#). *Kitaibelia* 13: 209-211. **IF: 0.23**