

1) Modelová rostlina *Arabidopsis thaliana*

Harter K, Weber APM (2013) *Arabidopsis 2010 and beyond – big science with a small weed*. *Frontiers in Plant Science* 4: 1

Rhee SY, Mutwil M (2014) *Towards revealing the functions of all genes in plants*. *Trends in Plant Science* 19: 212-221

Provart NJ et al. (2015) *50 years of Arabidopsis research: highlights and future directions*. *New Phytologist* 209: 921-944

Woodward AW, Bartel B (2018) *Biology in bloom: a primer on the Arabidopsis thaliana model system*. *Genetics* 208: 1337-1349

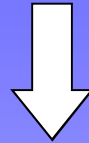
Provart NJ et al. (2021) *Anno genominis XX: 20 years of Arabidopsis genomics*. *Plant Cell* 33: 832–845

Martin Fellner
Laboratoř růstových regulátorů
PřF UP v Olomouci a ÚEB AVČR

1) Nezbytnost rostlin pro naši existenci na Zemi



Nezbytnost rostlin pro naši existenci na Zemi



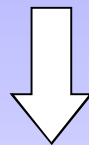
Potřeba zefektivnit zemědělství, aby bylo možno uživit svět



Nutnost poznat základní molekulární a fyziologické procesy
v rostlinách = poznat funkce genů



Studium co nejjednodušších organismů = rychlejší nalezení funkce genů



Potřeba modelových rostlin

**Hydepark civilizace: rozhovor s Prof. Jaroslavem Doleželem (ÚEB AVČR, Olomouc)
(24.9. 2016)**

<http://www.ceskatelevize.cz/ivysilani/10441294653-hyde-park-civilizace/216411058090924>

2) Co je *Arabidopsis* a proč je tak atraktivní, že se stala modelovou rostlinou?



1588 Johannes Thal: *Pilosella siliquata*

1753 Carl Linné: *Arabis*, na počest Thala: *Arabis thaliana*

Arabidopsis thaliana
(Holl and Heynhold 1842)

- a) Produkuje tisíce semen na jedné rostlině
- b) Má rychlý životní cyklus: 6-8 týdnů
- c) Je autogamní (self-fertile) a diploidní
- d) Je malá vzrůstem: 10 – 30 cm vysoká
- e) Snadno se mutuje a transformuje
- f) Má nízký počet chromozomů a malý genom

1907 Friedrich Laibach, Bonn, Německo – první pracoval na *Arabidopsis thaliana*: **5 chromozomů**

1943 navrhl *Arabidopsis* jako **modelovou rostlinu**

a) **Produkuje tisíce semen na jedné rostlině**

Vysoký počet semen je ideální z hlediska mutagenese - je možno mutovat velký počet semen současně => větší šance úspěšné mutagenese.

Vysoký počet semen je výhodný z hlediska studia mutací a genetických testů.

b) **Má rychlý životní cyklus: 6 – 8 týdnů**

Arabidopsis roste celý rok a má několik generací. Krátký životní cyklus umožňuje rychlou genetickou analýzu.

c) **Je autogamní (self-fertile) a diploidní**

Květy neprodukují nektar => málo atraktivní pro hmyz => => rostliny vyvinuly autogamii => jsou homozygotními liniemi

Díky diploidii se snadno identifikují recesivní znaky.



d) Je malá vzrůstem: 10 – 30 cm vysoká

Ekonomičtější pěstování rostlin: díky malému vzrůstu můžeme pěstovat velký počet rostlin na malé ploše ve skleníku či růstových komorách.

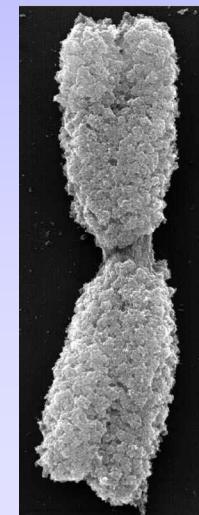
e) Snadno se mutuje a transformuje

Díky velkému počtu mutantů a transformantů je identifikace genů, jejich klonování a studium jejich funkce rychlejší.

f) Má nízký počet chromozomů a malý genom

Arabidopsis má 5 chromozomů; DNA je tvořena 100-120 x 10⁶ bp (base pairs).

Malý genom je důsledkem malého množství repetitivní DNA: 90% nukleární DNA kóduje proteiny => rychlá saturace genomu mutacemi a relativně rychlá možnost gen identifikovat.



5x

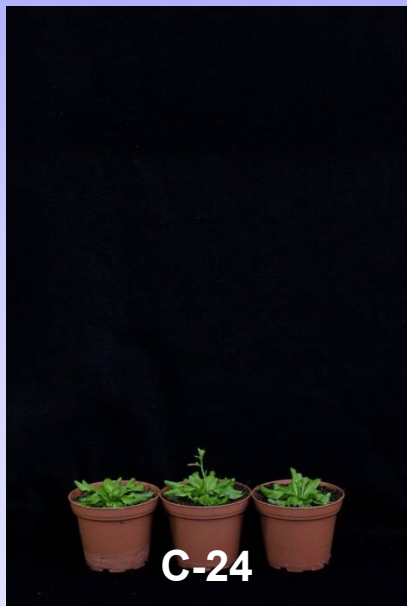


Foto: Hana Martinková (LRR)





**Foto:
Hana Martinková
(LRR)**

Gen, sekvence DNA, protein, genom

Buňka

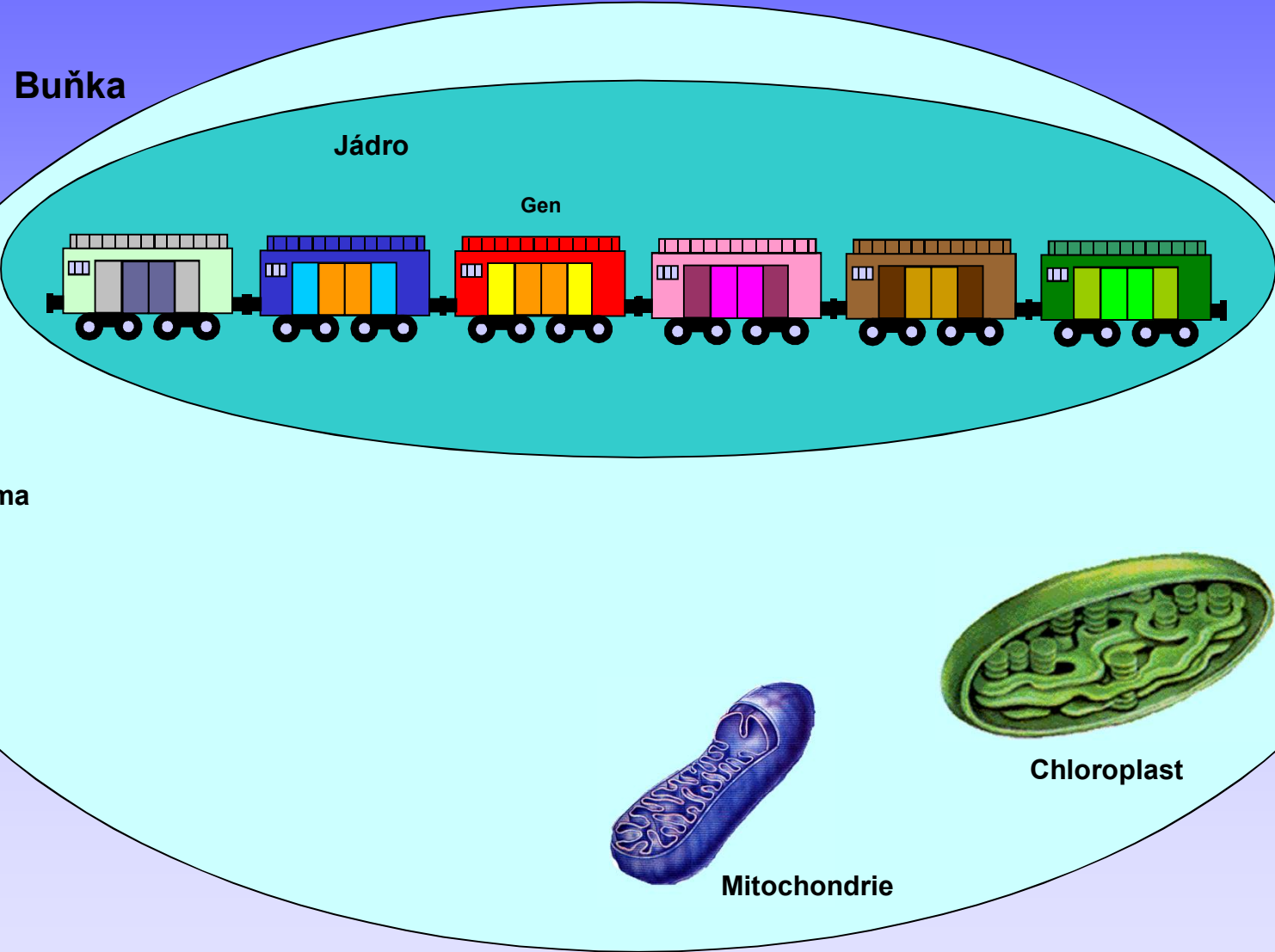
Jádro

Gen

Cytoplazma

Chloroplast

Mitochondrie

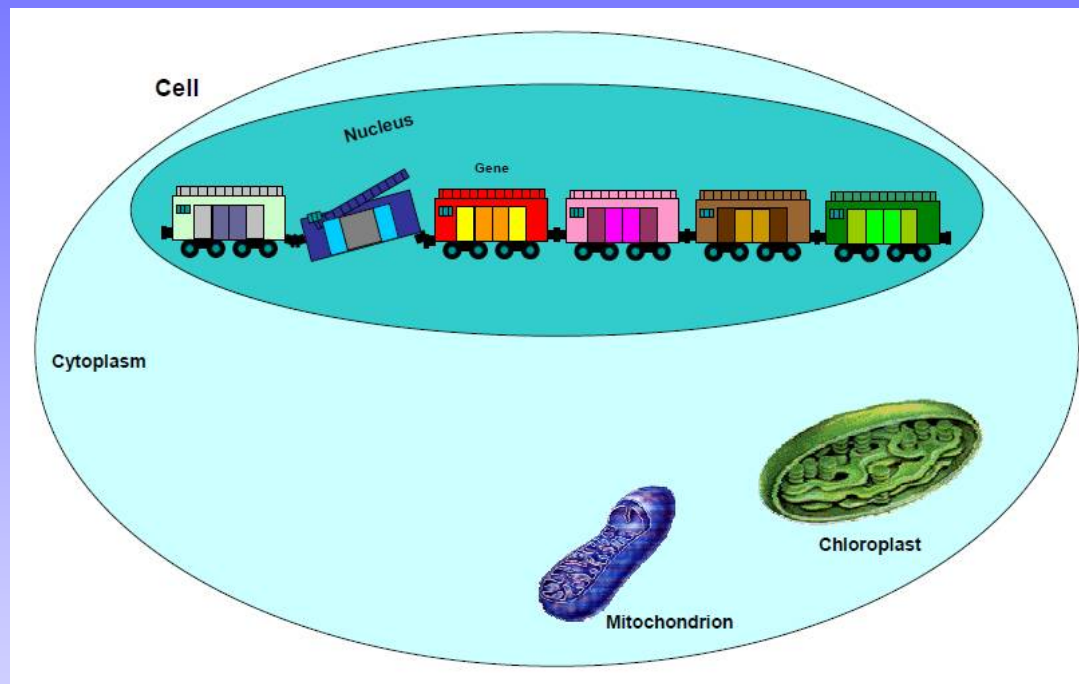


Mutant = organismus se změnou v sekvenci DNA



Nemutovaná
rostlina
(wild-type)

Mutovaná
rostlina



Mutovaný gen je nějakým způsobem zapojen v prodlužování

3) Vývoj *Arabidopsis* komunity

XI. Genetický kongres v Hagu (1963)

Založen *Arabidopsis* information service (AIS) – výměna informací o *Arabidopsis*

Byl publikován první AIS Newsletter, u jehož zrodu stál **Jiří Velemínský**.



1965 1. *Arabidopsis* symposium v Göttingenu, Německo, 25 účastníků.

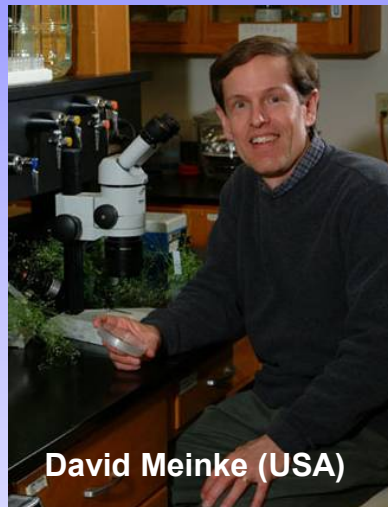
Fyziologické a genetické studie mutantů, první zpráva o genetickém mapování a metodách mutagenese

70. léta – pokles zájmu o *Arabidopsis*

Zájem se obrátil na jiné typy rostlin, na jejichž výzkum bylo snadnější získat finance.

70. léta: pouze několik skupin pokračovalo v práci na *Arabidopsis*:

- Jaap van der Veen (Holandsko) - mutagenese, kvetení, hormony
- Paddy Maher (Velká Británie) - auxin-senzitivní mutanti
- WJ Feenstra (Holandsko) - mutanti transportu dusíku
- David Meinke a Yan Sussex (USA, Oklahoma) – embryo-letální mutanti



David Meinke (USA)

Tyto skupiny generovaly a izolovaly celou řadu mutantů a rozpoznaly opravdový význam *Arabidopsis* jako modelové rostliny.

1983 – Publikována 1. genetická mapa *Arabidopsis thaliana*
Prof. Marteen Koornneef (Holandsko, Wageningen)



Opravdový zájem o *Arabidopsis*

Marteen Koornneef (Holandsko)



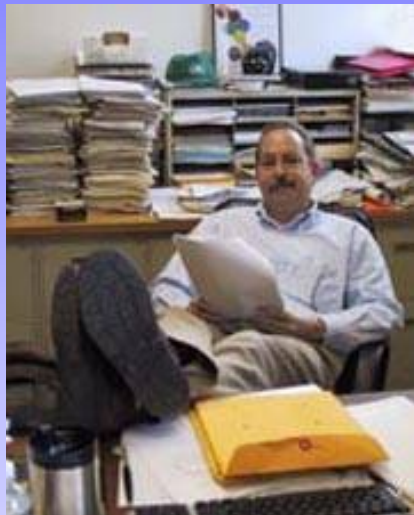
http://www.gen.wur.nl/UK/Staff/Scientific+Staff/Maarten+Koornneef/?wbc_purpose=Basic&WBCMODE=PresentationUnpublished

4) Molekulární éra

Nástup molekulární biologie na počátku 80. let - příslib nových převratných objevů v rostlinné biologii (+ George Rédei).



George Rédei (USA)
(1921-2008)



Elliot Meyerowitz (USA)



Fred Ausubel (USA)

Center for Computational and Integrative Biology
(harvard.edu)

<http://www.its.caltech.edu/~plantlab/>

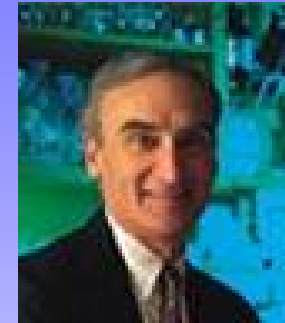
Zásadní objevy na přelomu 70. a 80. let:

- Schopnost *Agrobacterium tumefaciens* přenášet DNA do jaderného genomu vyšších rostlin => přelom v možnostech zkoumání funkce genů
- Potvrzení velikosti jaderného genomu *Arabidopsis* = **70 x 10⁶ bp** => rychlejší klonování genů

Významní vědci, pracující v jiných oblastech biologie pochopili význam malého *Arabidopsis* genomu pro rychlé klonování a identifikaci funkcí genů:

- Ron Davis - výzkum kvasinek
- Gerry Fink - výzkum kvasinek
- Howard Goodman – zakladatel molekulární biologie

Konec 80. let – masová adopce *Arabidopsis*



Gerry Fink (USA)



1987 Elliot Meyerowitz – vize výzkumu *Arabidopsis* genomu – klonování genů pomocí metody positional cloning; strategie výzkumu

Meyerowitz EM (1987) *Arabidopsis thaliana*. Annu Rev Genet 21: 93-111

Meyerowitz a Goodman založili genomické zdroje (RFLP mapy, YAC knihovny, atd.), které usnadňují a urychlují klonování genů.



1992 První geny klonované pomocí positional cloning – práce trvala **2 roky**

1987 Ken Feldman a David Marks – první kolekce T-DNA mutantů u *Arabidopsis*

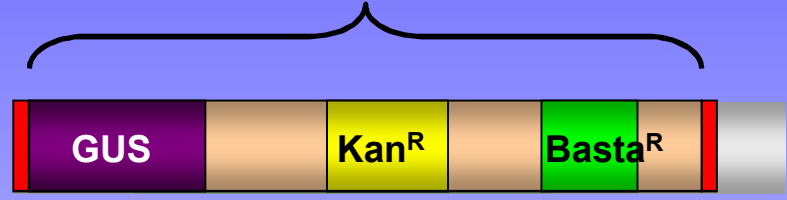
David Marks (USA)



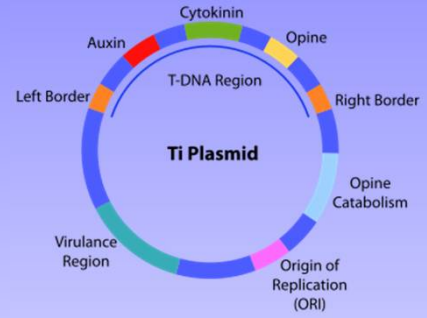
<http://www.cbs.umn.edu/node/1864>

- GUS – gen pro β-glukuronidázu (hydroláza)
- KAN^R – gen pro rezistenci ke kanamycinu
- BASTA^R – gen pro rezistenci ke herbicidu BASTA

T-DNA konstrukt vnesený do rostlinné DNA pomocí *Agrobacterium tumefaciens*



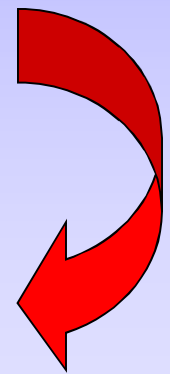
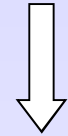
Neznámý gen, který chceme klonovat (= zjistit jeho sekvenci)



1989 První gen z této kolekce byl klonován během **několika měsíců**

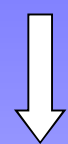
Marks D, Feldman K (1989) Plant Cell 1: 1043-1050
 Feldman K et al. (1989) Science 243: 1351-1354

Nastává éra molekulární biologie u *Arabidopsis*

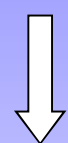




Konec **80. let** se vyznačuje rostoucím zájmem o práci na *Arabidopsis*

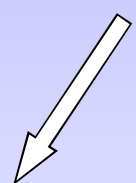


Konference o *Arabidopsis* v Michiganu 1987: 217 účastníků



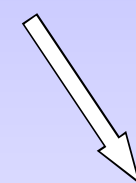
1988 Vznik první elektronické skupiny = informační *Arabidopsis* servis;
dnes nahrazen databázemi

TAIR a GARNET



The **Arabidopsis Information Resource**

<http://www.arabidopsis.org>



Genomic Arabidopsis Resource Network

<http://www.garnetcommunity.org.uk/>

Rychlé zdokonalení metod transformace *Arabidopsis* => účinnější metody transformace => rychlá saturace genomu *Arabidopsis*

1993 George Pelletier, INRA, Francie – transformace *Arabidopsis* metodou *in planta* => velká kolekce T-DNA mutantů

<https://www.arabidopsis.org/weedsworld/Vol2ii/pelletier.html>

Příklad využití T-DNA mutantů: izolace mutantů, jejichž analýzou byly identifikovány a klonovány homeotické květní geny *AG*, *PI*, *AP2*, *AP3*.



Laboratoř E. Meyerowitz:
Elegantní model vývoje
květních orgánů:

ABC model



Marteen Koornneef (Holandsko)



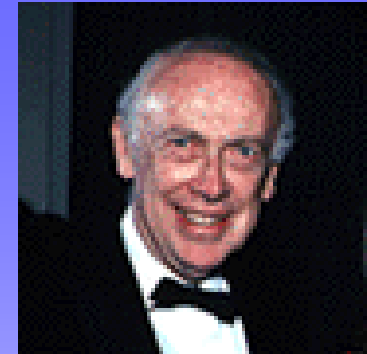
Bowman JL et al. (1991) *Development* 112: 1-20

John Bowman (USA)

<https://www.monash.edu/science/schools/biological-sciences/staff2/bowman>

5) *Arabidopsis* projekty

1989 James Watson (Cold Spring Harbor Laboratory; spoluobjevitel DNA, Nobel Price 1962) - inicioval diskusní mítink o *Arabidopsis* (Eric Bloch – NSF).



James Watson (USA)

Ron Davis
Gerry Fink
Elliot Meyerowitz
Chris Somerville
Ken Feldman

Koncept **1. *Arabidopsis* projektu**, zaštitěn Watsonem a financovaný National Science Foundation (NSF)



Chris Somerville (USA)

<http://pmb.berkeley.edu/profile/csomerville>

1990 Vznik National and Multinational *Arabidopsis* Steering Committees – výzva laboratořím ve světě k práci na *Arabidopsis*.

Cíl projektu: Osekvenovat celý *Arabidopsis* genom do roku 2003

Vzniká potřeba vytvoření infrastruktury k organizaci a výměně informací mezi laboratořemi

1991 Vytvoření *Arabidopsis* Stock Center v USA a UK, vývoj databází, založení knihoven klonů, mapovacího polymorfismu, atd.



USA – spíše zaměřeny na vývoj infrastruktury a genomických zdrojů

Evropa - spíše zaměřena na vlastní sekvenování - **BRIDGE projekt** = spojení 33 laboratoří v 9 zemích světa

- **UK** - oddělený projekt = spojení 41 laboratoří v 9 zemích světa

1993 - ESSA projekt = 19 laboratoří – zacílen na sekvenování souvislých regionů 2500 kb na chromosomech III, IV a V.

1993 – Založen Kazusa DNA Research Institute v Japonsku = zapojení Japonska do projektu sekvenování *Arabidopsis* genomu

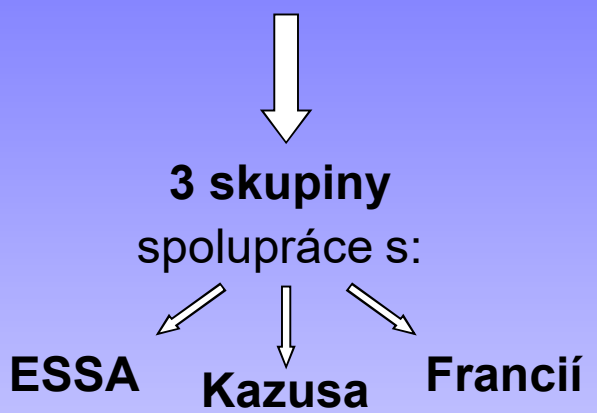
Rob Martiessen
Dick McCombie
Joe Ecker

USA projekt - zapojení do vlastního
sekvenování; sponzorován NSF a
USDA



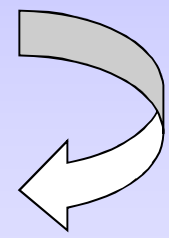
Joe Ecker (USA)

<http://www-biology.ucsd.edu/faculty/ecker.html>



1996 Dohodnut mechanismus koordinace a kooperace

Vzniká ***Arabidopsis* Genome Initiative**

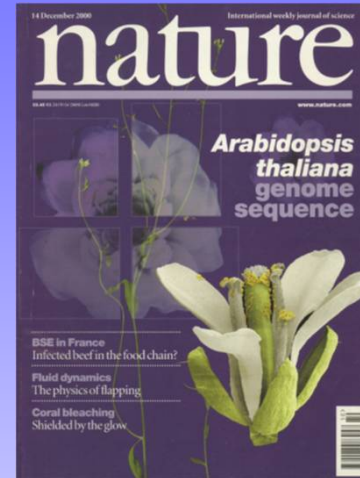


2000

Dokončen projekt sekvenování *Arabidopsis* genomu

Publikováno ve speciálním čísle
časopisu Nature:

Nature 408: 796 – 826, 2000



Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana* THE ARABIDOPSIS GENOME INITIATIVE

Authorship of this paper should be cited as "The Arabidopsis Initiative"

The Institute for Genomic Research, 9712 Medical Centre Drive, Rockville, Maryland 20850, USA

Kazusa DNA Research Institute, 1532-3 Yana, Kisarazu, Chiba 292, Japan

The flowering plant *Arabidopsis thaliana* is an important model system for identifying genes and determining their functions. Here we report the analysis of the genomic sequence of *Arabidopsis*. The sequenced regions cover 115.4 megabases of the 125-megabase genome and extend into centromeric regions. The evolution of *Arabidopsis* involved a whole-genome duplication, followed by subsequent gene loss and extensive local gene duplications, giving rise to a dynamic genome enriched by lateral gene transfer from a cyanobacterial-like ancestor of the plastid. The genome contains 25,498 genes encoding proteins from 11,000 families, similar to the functional diversity of *Drosophila* and *Caenorhabditis elegans*— the other sequenced multicellular eukaryotes. *Arabidopsis* has many families of new proteins but also lacks several common protein families, indicating that the sets of common proteins have undergone differential expansion and contraction in the three multicellular eukaryotes. This is the first complete genome sequence of a plant and provides the foundations for more comprehensive comparison of conserved processes in all eukaryotes, identifying a wide range of plant-specific gene functions and establishing rapid systematic ways to identify genes for crop improvement.

6) Functional Genomics Project

Před dokončením sekvenovacího projektu inicioval Joe Ecker v r. 1998 workshop.



Navrhl nový projekt



Joe Ecker (USA)

Mise projektu: Určit funkci všech genů *Arabidopsis*



Joe Ecker
Joan Chory
Detlev Weigel



Rozpracovali projekt na workshopu
v roce 2001. Projekt publikován v Science:

Science, Vol 290, Issue 5499, 2077-2078,
15 December 2000



Joan Chory (USA)

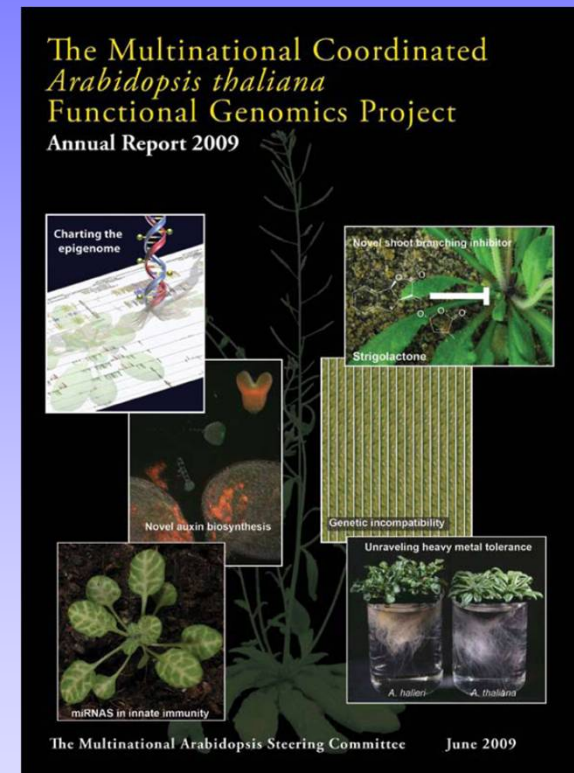
<http://www.salk.edu/faculty/chory.html>

Functional Genomics Project: 2001 - 2010

Cíle projektu:

http://www.arabidopsis.org/portals/masc/2009_MASC_Report.pdf

- 1) Vyvinout genetické nástroje, včetně nových technologií vývoje, které umožní široké vědecké veřejnosti provádět funkční genomický výzkum na *Arabidopsis*
- 2) Identifikovat funkce genů celého systému: genová exprese, analýza proteinů, dynamika metabolitů, molekulární interakce, srovnávací genomika
- 3) Rozšířit roli bioinformatiky
- 4) Rozšířit komunitu a lidské zdroje
- 5) Zdokonalit mezinárodní spolupráci



Pravidelné roční zprávy MASC (The Multinational *Arabidopsis* Steering Committee): **2002, 2003,** => <http://www.arabidopsis.org> => Functional Genomics => <http://www.arabidopsis.org/portals/masc/index.jsp>

Functional Genomics Project: 2001 - 2010

<http://www.nsf.gov/pubs/2002/bio0202/2010report.pdf>

Hlavní výsledky za prvních 5 let: (Bevan and Walsch 2006, Genome Research 15: 1632-1642)

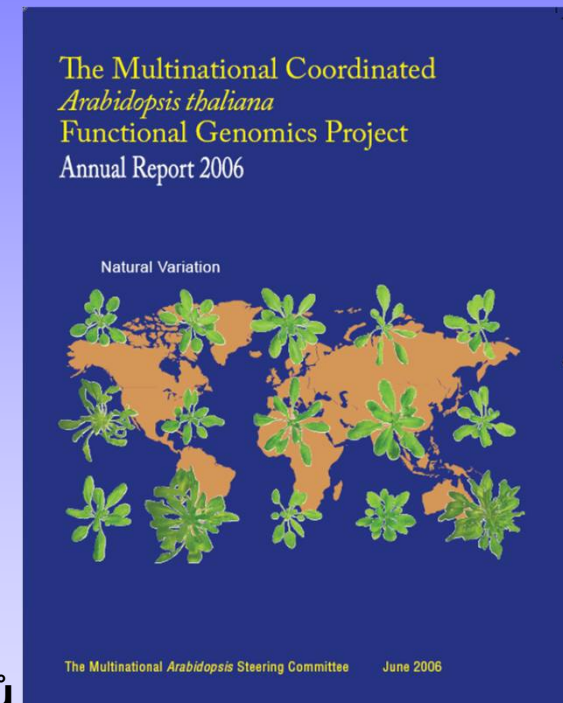
- 1) Upřesněna velikost genomu *Arabidopsis*: **146 Mbp** (dnes jaderný: 132 Mbp)
- 2) Předpovězen počet genů kódujících proteiny: **26 207**
- 3) Počet genů kódujících proteiny, u nichž byly identifikovány transkripty: **19 117**
- 4) Počet proteinů: **27 855**
- 5) Počet genů s insercí v oblasti exonu a intronu: **24 589**

Cíl projektu byl z velké části splněn. Zbývá:

- definovat ontologii biologických procesů u 7540 genů
- definovat ontologii molekulárních procesů u 5944 genů

V současné době – zkoumání genetických interakcí => porozumění vztahu mezi genotypem a fenotypem – Projekt „1001 genomes“ – začal v roce 2008:

První publikace: *The 1001 Genomes Consortium* (2016) *Cell* 166: 481-491



2014

***Arabidopsis* Research and Training for the 21st Century (ART-21)**

NSF Award Search: Award # 1518280 - RCN: Arabidopsis
Research and Training for the 21st century (ART-21)

Pětiletý projekt vytvořen NAASC (The North American Arabidopsis Steering Committee) a financován NSF (National Science Foundation).

Databáze ARAPORT: <https://www.araport.org/>

Obecný cíl:

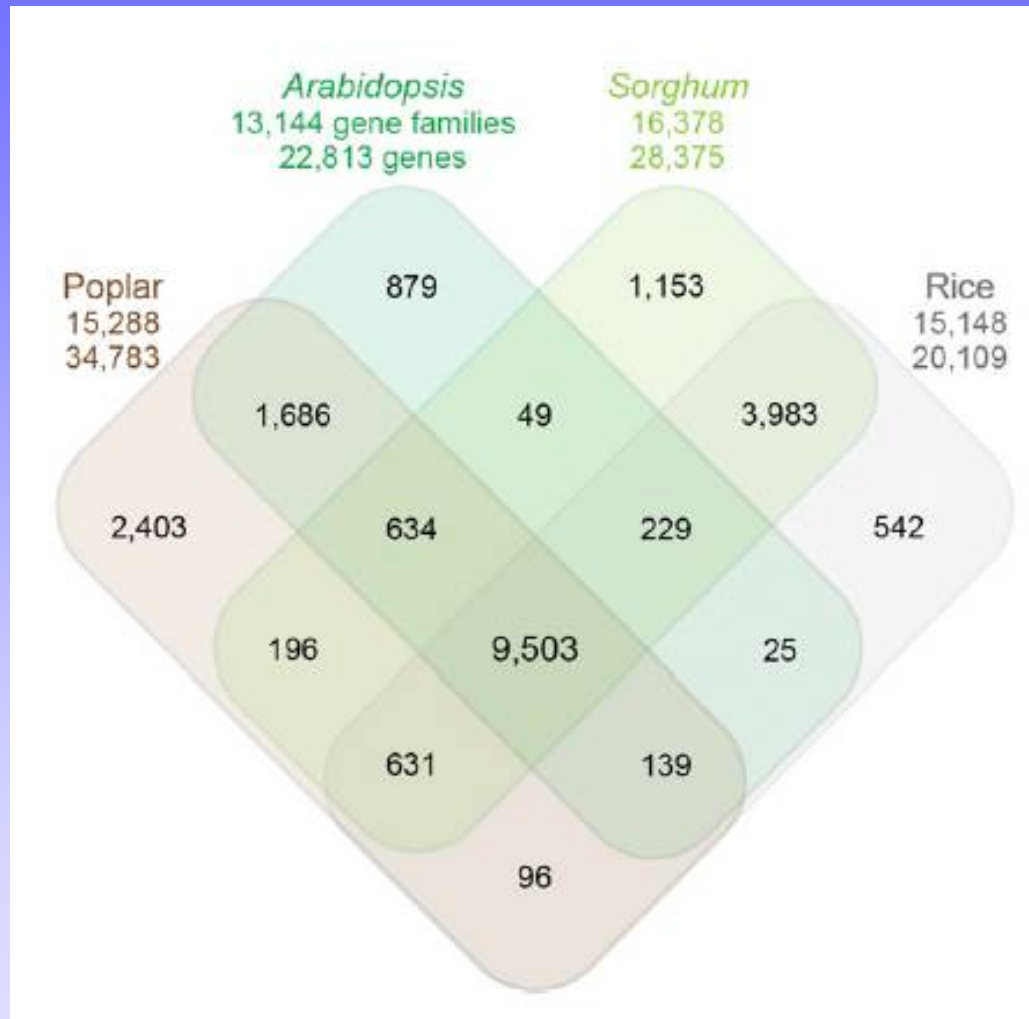
Zaangažovat vědeckou komunitu, určit a usnadnit nové směry výchovy nastupující generace vědců zabývajících se *Arabidopsis*.

Dílčí cíle projektu:

- 1)** Identifikovat nové technologie (např. síťové modelování, analýza digitálního obrazu) nutné pro biologii 21. století
- 2)** Identifikovat nové dovednosti napříč všemi výzkumnými organizacemi, a to i neakademickými

Update 2018

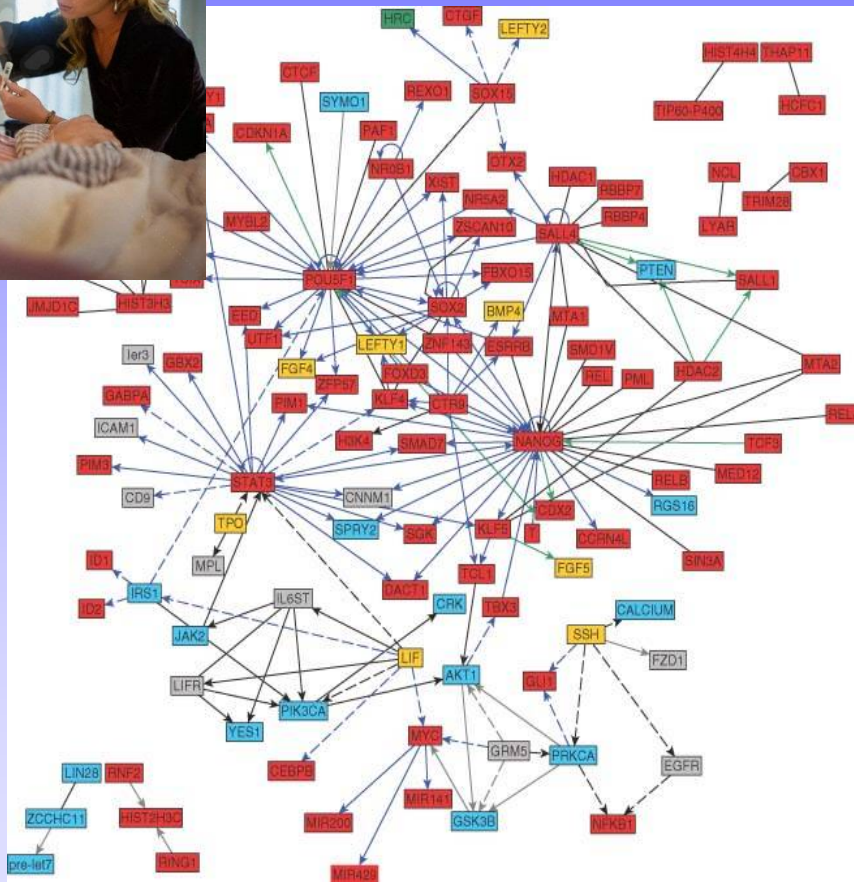
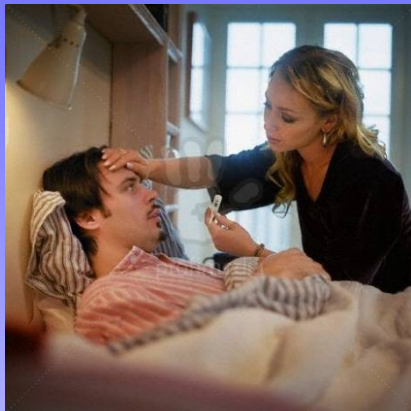
Woodward AW, Bartel B (2018) *Genetics* 208: 1337-1349



2/3 genových rodin *Arabidopsis* (9503) jsou společné pro tyto 4 druhy rostlin

Srovnávací genomika *Arabidopsis thaliana*, *Populus trichocarpa* (topolu), *Sorghum bicolor* (čiroku) a *Oryza sativa* (rýže).

7) *Arabidopsis* a lidská onemocnění



Člověk není ideální experimentální objekt



Modelové organizmy

Saccharomyces cerevisiae

Drosophila melanogaster

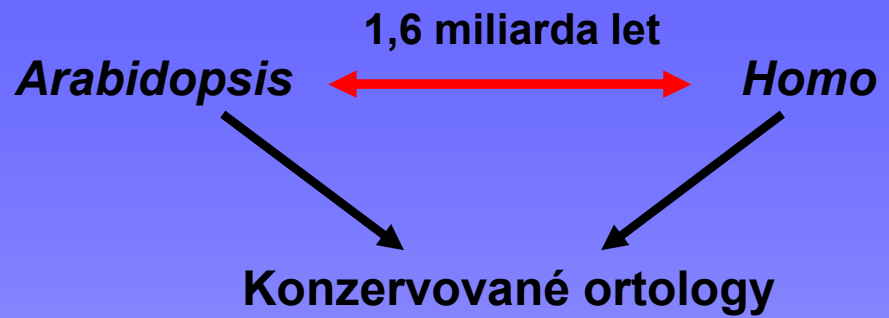
Caenorhabditis elegans

+

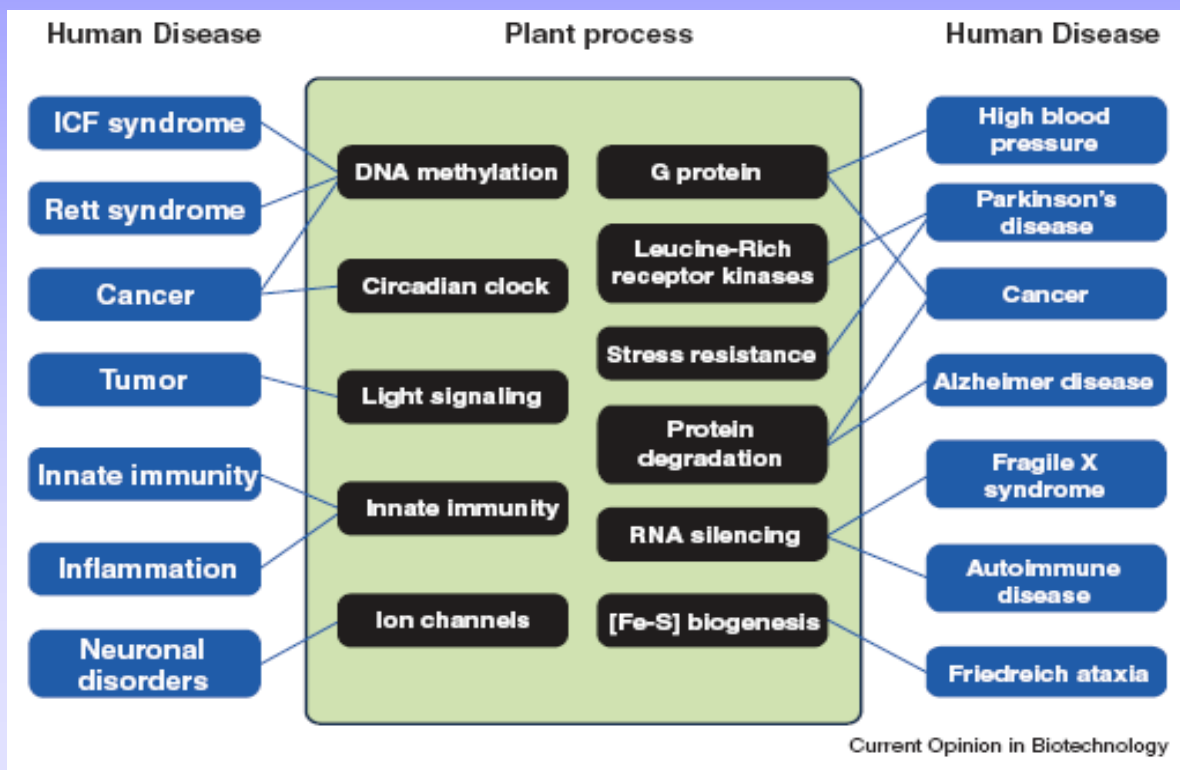
Arabidopsis thaliana



Porovnání genomu člověka s genomy modelových organizmů



Ortology: Neurologická onemocnění: 71% genů (*Arabidopsis*)
 Onkologická onemocnění: 70% genů (*Arabidopsis*)
 67% genů (*Drosophila*)
 41% genů (*Saccharomyces*)



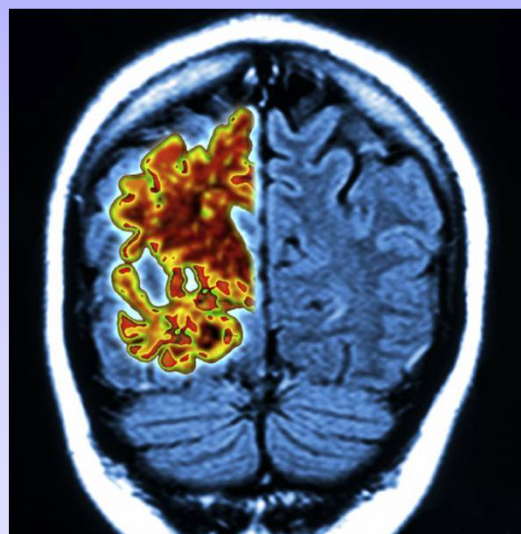
Xu XM, Møller SG (2011) Current Opinion in Biotechnology 22: 300–307

Význam *Arabidopsis* ve studiu molekulárních mechanismů Alzheimerovy choroby

- A. choroba - nejrozšířenější neurodegenerativní onemocnění CNS
- Degenerace neuronů a ukládání β -amyloidních peptidů (β -amyloidů, $A\beta$)

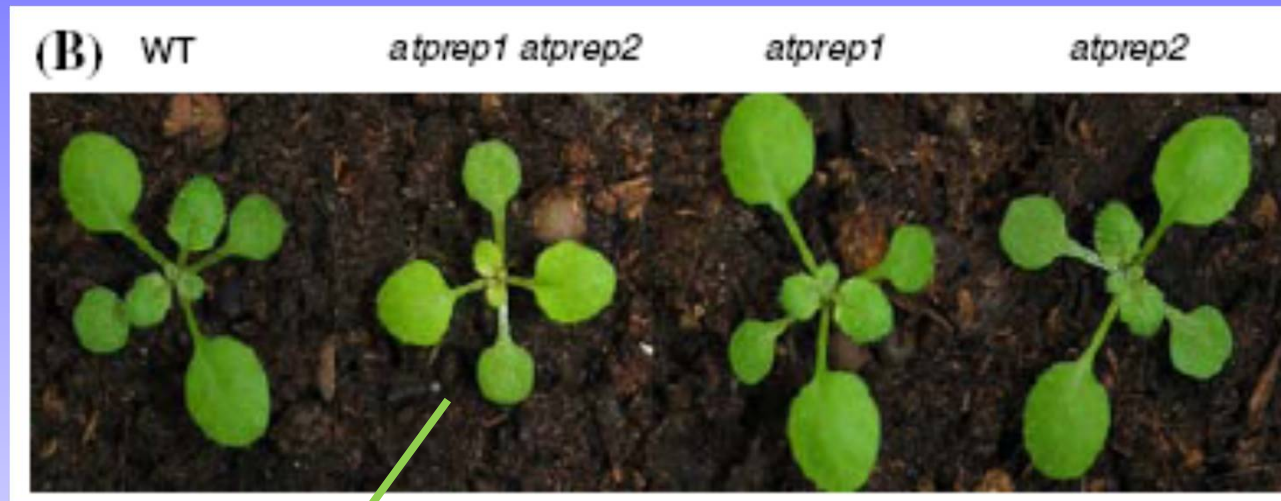


APP – **A**myloid **P**recursor **P**rotein;
exprimován v neuronech, funkce
neznámá



Neurological disease gene orthologs found in <i>Arabidopsis</i>			
Human disease genes	Arabidopsis ortholog	E-values	Function in <i>Arabidopsis</i>
Adrenoleukodystrophy-ABCD1	At4g39850	9.6e-86	Peroxisomal ATP binding cassette protein (PXA1)
Alzheimer-APP	At5g59390	8.7e-03	XH/XS domain-containing protein AXR1-like
Alzheimer-APP-BP1	At1g05180	1.2e-113	Auxin-resistant 1 (AXR1)
	At2g32410	2.3e-114	AXR1-like (AXL)
Alzheimer-PSEN1	At2g29900	1.7e-36	Presenilin family protein
Alzheimer-PSEN2	At1g08700	9.2e-36	Presenilin family protein
Alzheimer-APOE	At2g38370	1.4e-03	Unknown protein
Alzheimer-CLU	At3g15550	3.1e-01	Unknown protein
Alzheimer-PICALM	At2g01600 ⁺	4.3e-25	ENTH domain-containing protein
Alzheimer-PreP-PITRM1	At3g19170	6.1e-118	AtPreP1 (Pre-sequence protease)
	At1g49630	2.7e-115	AtPreP2
Amyotrophic Lat Sclero-SOD1	At2g28190 ⁺	2.8e-45	Cu/Zn superoxide dismutase-like protein (CSD2)
Angelman-UBE3A	At1g55860 ⁺	1.5e-48	Putative ubiquitin-protein ligase 1 (UPL1)
Aniridia-PAX6	At4g36740 ⁺	2.7e-05	HOMEBOX PROTEIN 40 (ATHB40)
Ceroid-Lipofuscinosis-PPT	At4g17470 ⁺	1.3e-40	Palmitoyl protein thioesterase family
Choroideremia-CHM	At5g09550 ⁺	6.7e-38	GDP dissociation inhibitor (RAB)
Deafness, Hereditary-MYO15	At2g31900 ⁺	8.5e-146	Motor (AtXIF)
Deafness, X-Linked-TIMM8A	At5g50810 ⁺	1.2e-10	Transmembrane transporter (TIM8)
Diaphanous 1-DIAPH1	At1g31810 ⁺	2.0e-31	Actin binding
Dementia, Multi-Infarct-NOTCH3	At5g20350 ⁺	1.3e-08	Tip growth defective 1 (TIP1)
Duchenne MD+-DMD	At5g41790 ⁺	1.6e-23	COP1-INTERACTIVE PROTEIN 1 (CIP1)
Emery-Dreifuss MD+-LMNA	At5g16730	6.4e-7	Putative protein
Familial Encephalopathy-PI12	At2g25240 ⁺	6.4e-39	Putative serpin
Friedreich Ataxia-FXN	At4g03240	8.4e-21	FRATAXIN HOMOLOG (ATFH)
Limb Girdle MD+2A-CAPN3	At1g55350	1.4e-54	Cysteine-type endopeptidase (ATDEK1)
Limb Girdle MD+2B-YSF	At5g11100 ⁺	7.5e-08	C2 domain-containing protein
Lowe Oculocerebroren-OCRL	At1g34120 ⁺	3.9e-51	Inositol triphosphate phosphatase (AtIP5PI)
Machado-Joseph-MJD1	At3g54130 ⁺	1.1e-39	Josephin family-like protein
Miller-Dieker Lissen-PAF	At3g49660 ⁺	2.9e-34	WD-40 repeat family protein
Myotonic Dystrophy-DM1	At2g20470 ⁺	4.8e-72	Kinase
Myotubular Myopathy 1-MTM1	At3g10550 ⁺	1.8e-65	Phosphatase
Oculopharyngeal MD+-PABPN1	At5g51120 ⁺	3.1e-30	PABP family protein (AtPABN1)
Oguchi Type 2-RHKIN	At3g08730 ⁺	1.9e-51	Putative ribosomal-protein S6 kinase (ATPK6)
Parkinson-SNCA (PARK1=PARK4)	At3g05620	2.9e-01	Pectinesterase family protein
Parkinson-Parkin (PARK2)	At1g05890 ⁺	2.1e-12	Putative RING zinc finger protein
Parkinson-SFXN5 (PARK3)	At5g12400	2.6e-01	Putative PHD finger transcription factor
Parkinson-UCHL1 (PARK5)	At4g17510	4.3e-40	Ubiquitin thioesterase (UCH3)
	At5g16310	1.6e-12	UCH1
	At1g65650	3.3e-10	UCH2
Parkinson-PINK1 (PARK6)	At1g73660 ⁺	1.3e-08	Protein kinase family
Parkinson-DJ-1 (PARK7)	At3g14990	6.9e-26	AtDJ-1a
	At1g53280	1.2e-28	AtDJ-1b
	At4g34020	6.7e-23	AtDJ-1c
Parkinson-LRRK2 (PARK8)	At4g39400 ⁺	4.0e-30	Protein kinase (AtBRI1)
Parkinson-ATP13A2 (PARK9)	At5g23630 ⁺	4.6e-51	ATPase E1-E2 type family protein
Parkinson-GIGYF2 (PARK11)	At5g42950	2.0e-07	GYF-domain containing protein
Parkinson-HTRA2 (PARK13)	At5g27660 ⁺	8.1e-55	Endopeptidase
Parkinson-PLA2G6 (PARK14)	At2g03430 ⁺	1.8e-18	Ankyrin repeat family protein
Parkinson-FBXO7 (PARK15)	At1g23780	4.5e-11	F-box family protein
Retinitis Pigmentosa-RPGR	At5g63860 ⁺	5.0e-39	Guanyl-nucleotide exchange factor (UVR8)
Retinitis Pigmentosa 2-RP2	At4g39920	7.3e-15	POR
SCA ⁺ 2-SCA2	At1g54170 ⁺	1.5e-09	CTC-Interacting Domain 3 (CID3)
SCA ⁺ 6-CACNA1A	At4g03560	1.1e-09	Two-pore channel 1 (AtTPC1)
Stargardt's-ABCA4	At2g41700	2.7e-170	ATPase
Tay-Sachs-HEXA	At1g65590 ⁺	1.6e-72	BETA-HEXOSAMINIDASE (AtHEX1)
Thomsen-CLCN1	At5g26240 ⁺	5.1e-34	Chloride channel protein (AtCLC-D)
Wilson-ATP7B	At5g44790 ⁺	7.4e-181	ATP dependent copper transporter (RAN1)

2009 – Identifikace genů *AtPreP1* a *AtPreP2* kódujících enzym pre-sequence proteázu PreP



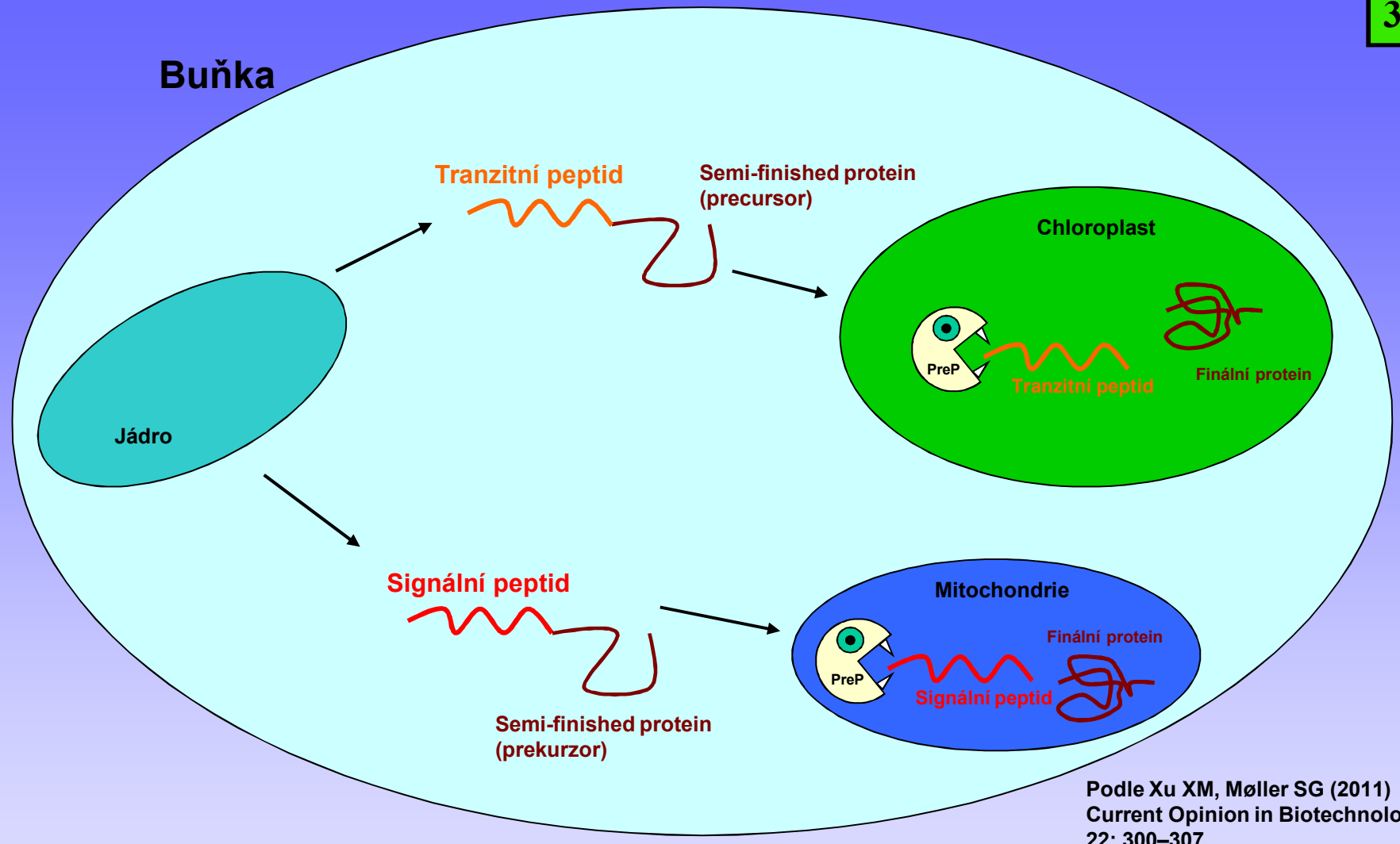
Cederholm SN et al. (2009) Plant Molecular Biology 71:497–508

Dvojitý mutant *atprep1 atprep2* ukazuje chlorózu a retardovaný růst.

PreP degraduje terčové peptidy:

➤ Tranzitní peptidy v chloroplastech

➤ Signální peptidy (pre-sequence) v mitochondriích



Tranzitní peptidy a signální peptidy jsou toxické pro chloroplasty a mitochondrie.

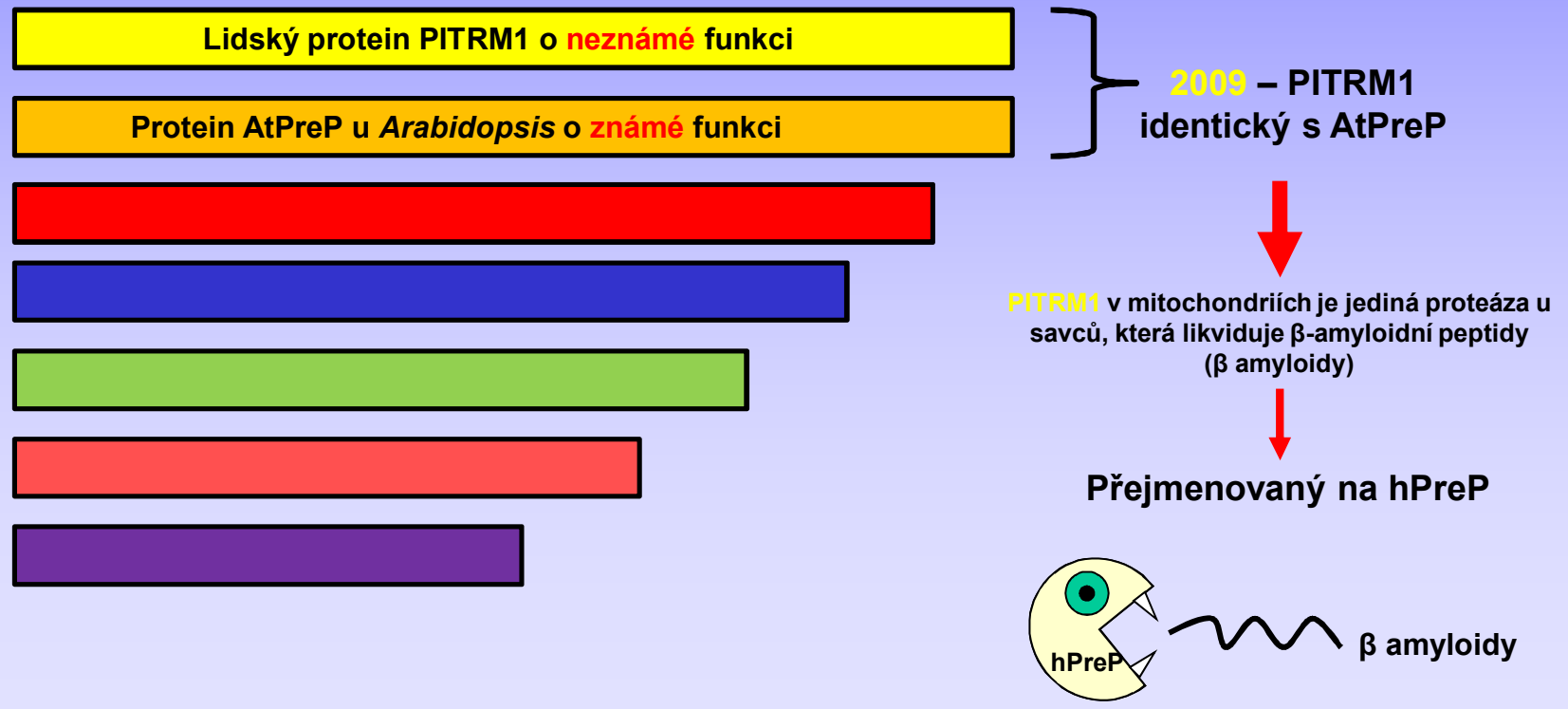


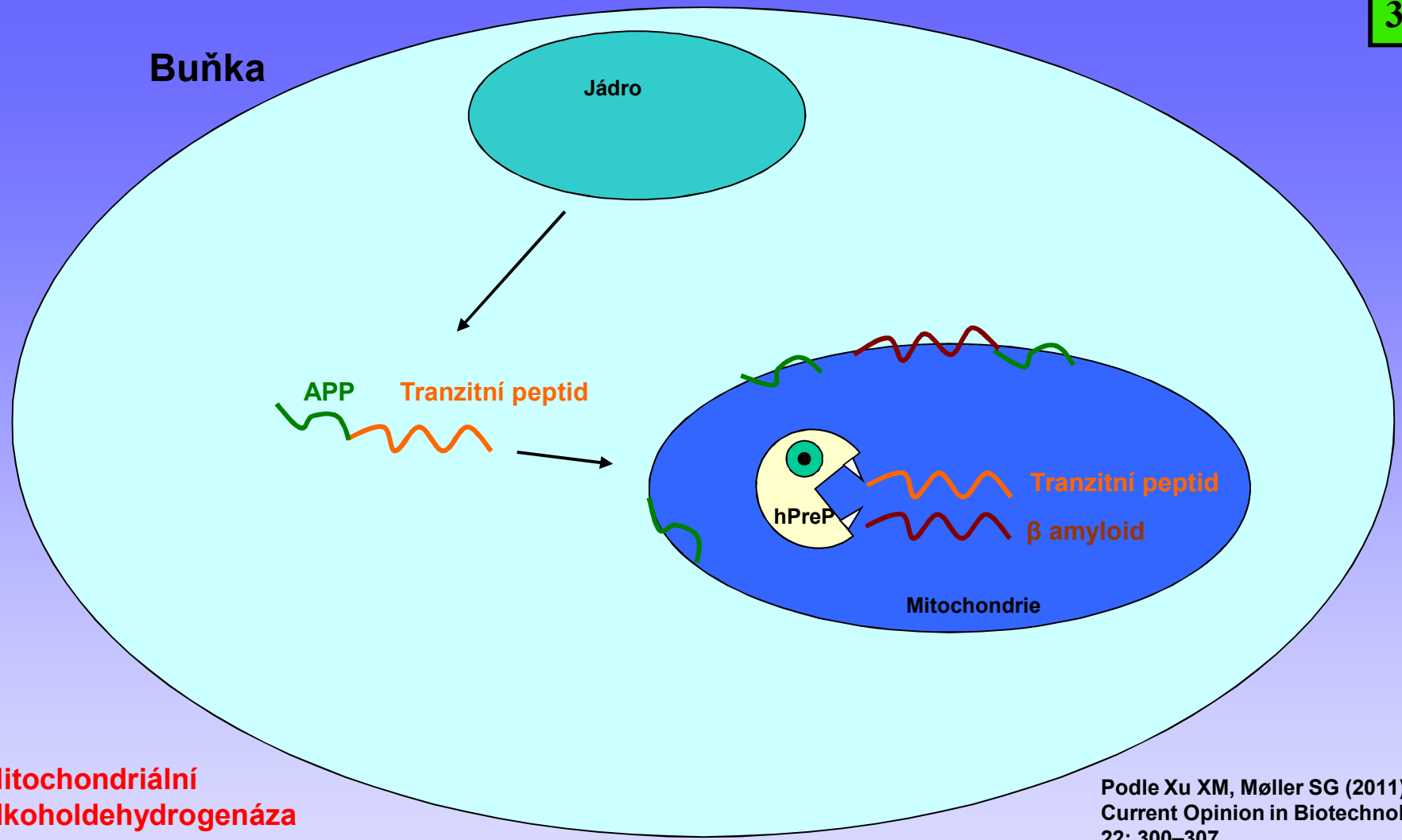
Peptidy jsou likvidovány proteinem PreP



2000 – Identifikace lidského proteinu **PITRM1** v mitochondriích; funkce v buňce neznámá

Srovnání proteinu **PITRM1** s jinými proteiny v proteinových databázích. PITRM1 ukazoval shodnost s proteiny AtPrep1 a AtPreP2. Na základě znalostí funkce AtPrep1 a AtPreP2 byla odhalena funkce PITRM1.





**Mitochondriální
alkoholdehydrogenáza**

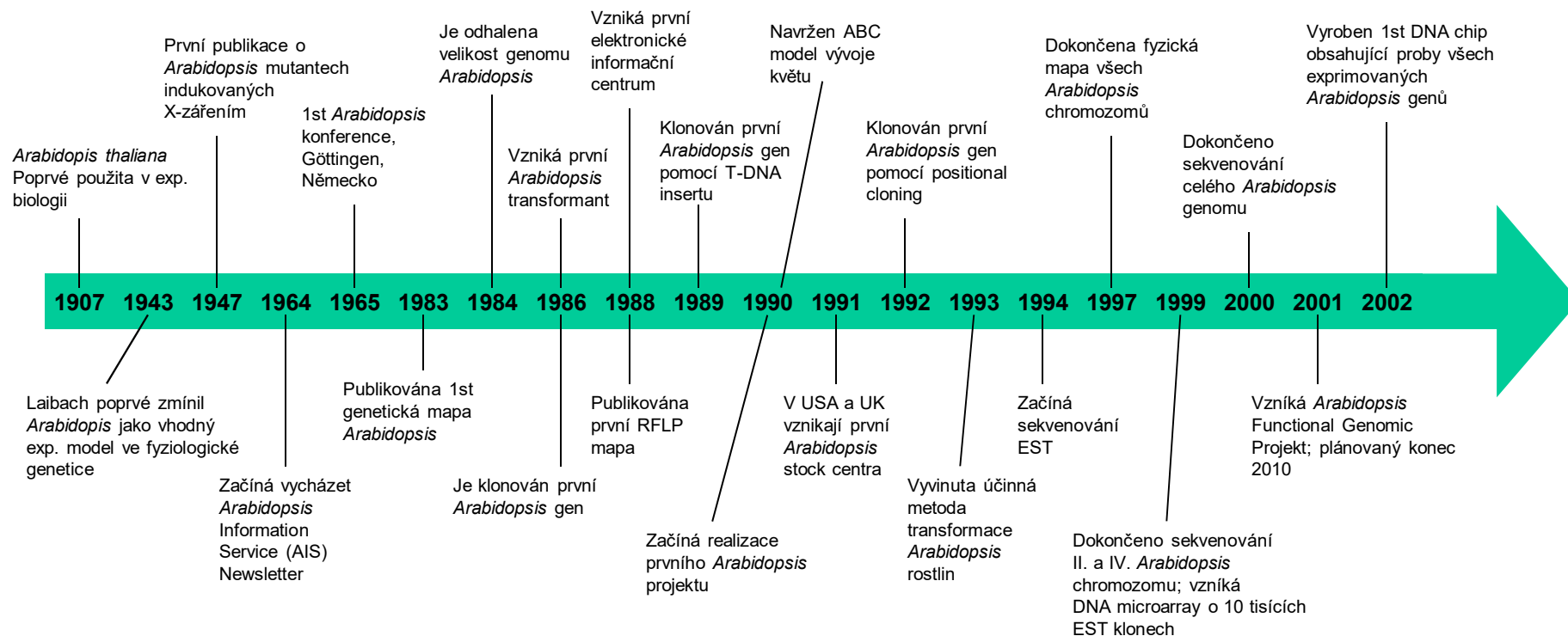
Podle Xu XM, Møller SG (2011)
Current Opinion in Biotechnology
22: 300–307

Tranzitní peptidy a β amyloidy jsou pro mitochondrie toxické.



Tranzitní peptidy a β amyloidy jsou zničeny proteinem hPreP

Klíčové události ve výzkumu modelové rostliny *Arabidopsis thaliana* L.



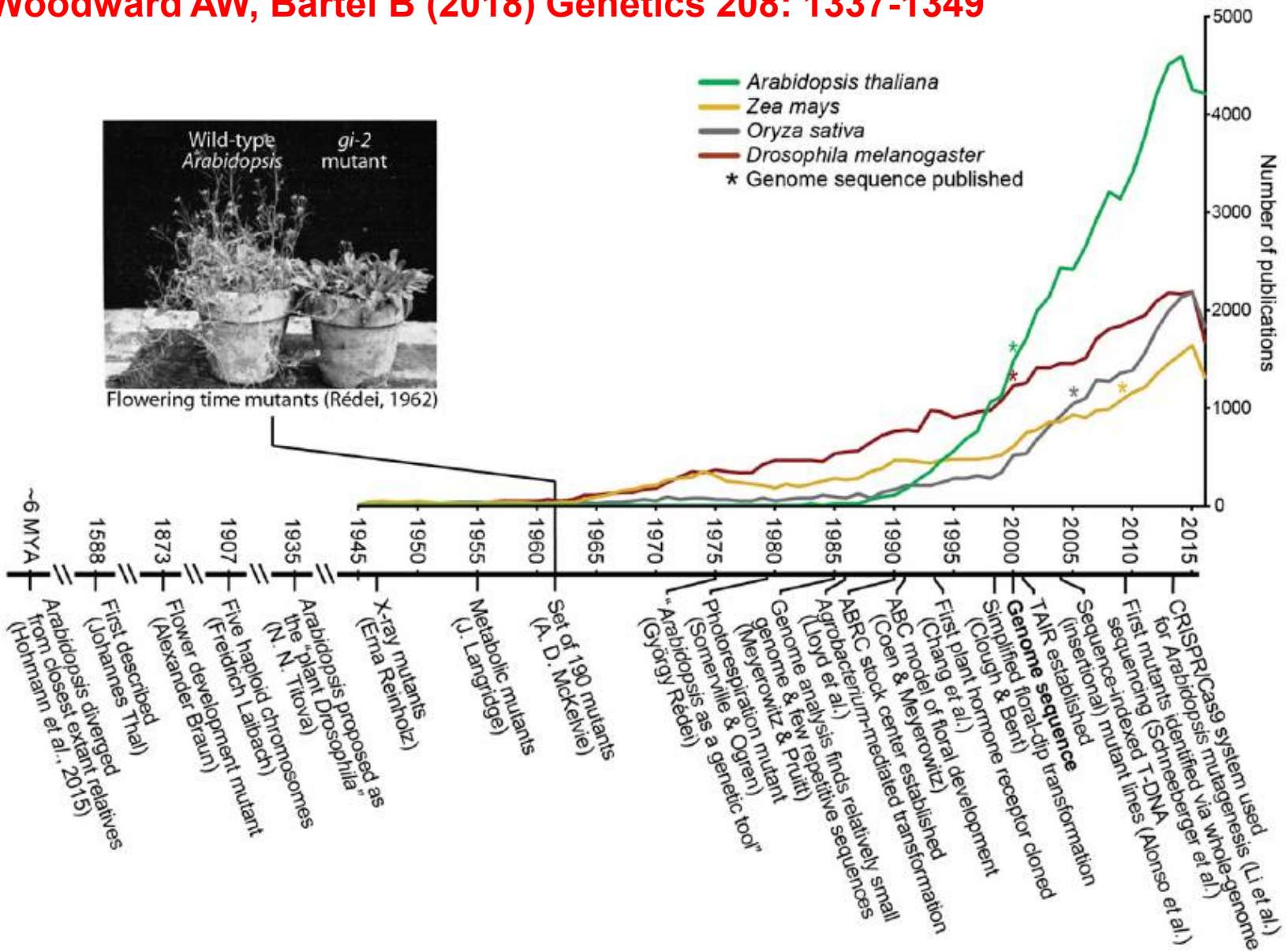
Detailní chronologie *Arabidopsis* výzkumu:

[50 years of Arabidopsis research: highlights and future directions - Provart - 2016 - New Phytologist - Wiley Online Library](#)

2015 – víc než 50 tisíc článků o *Arabidopsis*, mnoho z nich je citováno v člancích týkajících se jiných organizmů

Update 2018

Woodward AW, Bartel B (2018) Genetics 208: 1337-1349



8) Databáze

Arabidopsis databáze



Eva Huala (USA) (TAIR)

TAIR = The *Arabidopsis* Information Resource: <http://www.arabidopsis.org>

ePlant: <https://bar.utoronto.ca/eplant>

V této databázi jsou možnosti:

Obecné vyhledávání

Získání rostlinného materiálu (semena, DNA,...)

Nottingham *Arabidopsis* Stock Center (**NASC**): <http://arabidopsis.info/>

Arabidopsis Biological Resource Center (**ABRC**): <https://abrc.osu.edu/>



Sean May (UK)
(NASC)

Nástroje

BLAST: <http://www.arabidopsis.org/Blast/>

SeqViewer: <https://seqviewer.arabidopsis.org/>



Randy Scholl (USA)
(ABRC)

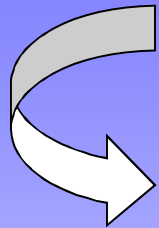
Spojení na jiné stránky, další informace, novinky, atd.

The Arabidopsis Book:

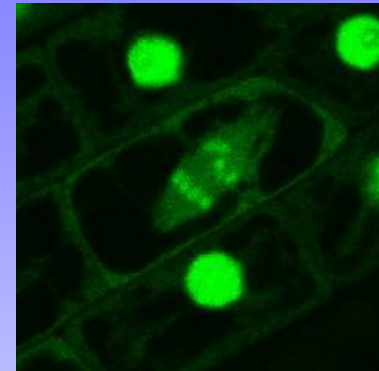


**American Society
of Plant Biologists**

Online, free !!



<https://bioone.org/journals/the-arabidopsis-book>



This electronic book, **The Arabidopsis Book (TAB)**, ISSN: 1543-8120, is an attempt at a new mode of communication between researchers and a new model for scientific publishing. **TAB** in its initial stage is a compilation of over 100 invited chapters, each reviewing in detail an important and interesting aspect of the plant *Arabidopsis thaliana*, with reference to what is known in other plants and in other kingdoms. **TAB** is available only via the Internet and will be available free of charge. The American Society of Plant Biologists is providing funds for the mounting and maintenance of the book on the Internet as a public service. [View and search full-text at BioOne](#)

Obecné databáze

GABI = **G**enome **A**nalysis of the Plant **B**iological System: <http://www.gabi.de>

PlaNNet = A Network of European Plant Databases:

[European plant genome database network \(PLANET\) | PLANET | Project | Results | FP5 | CORDIS | European Commission \(europa.eu\)](#)

Údaje o genomech, informace o sekvencích, literární zdroje, atd.

NCBI = **N**ational **C**enter for **B**iotechnology Information: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>

TCAG = The Center for the Advancement of Genomics (dříve TIGR):

[Articles about The Center for the Advancement of Genomics \(TCAG\) \(biospace.com\)](#)

Kazusa DNA Research Institute: <http://www.kazusa.or.jp/e/>

Bioinformatické zdroje (update 2021)

[Arabidopsis bioinformatics: tools and strategies - Cantó-Pastor - 2021 - The Plant Journal - Wiley Online Library](#)



Další použitá literatura

Mulligan B, Anderson M (1995) *Arabidopsis thaliana*: a versatile plant for teaching and research projects in genetics and plant biology. *J Biol Education* 29: 259 – 269.

Wilson ZA (2000) *Arabidopsis*. A practical approach. Oxford University Press.

Somerville C, Koornneef M (2002) A fortunate choice: the history of *Arabidopsis* as a model plant. *Nature Reviews* 3: 883 – 889.

The multinational coordinated *Arabidopsis* genomics project, MASC (2002).

Alberts B et al. (2004) *Essential cell biology*. 2nd ed., Garland Science Publishing.

Jones AM et al. (2008) The impact of *Arabidopsis* on human health: diversifying our portfolio. *Cell* 133: 939-943

Cederholm SN et al. (2009) Deletion of an organellar peptidosome PreP affects early development in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Mol Biol* (2009) 71:497–508

Alikhani N et al. (2009) Mitochondria and Alzheimer's disease: amyloid-beta peptide uptake and degradation by the presequence protease, hPreP. *J Bioenerg Biomembr* 41: 447-451

Koornneef M, Meinke D (2010) The development of *Arabidopsis* as a model plant. Plant Journal 61: 909-921

Buell CR, Last RL (2010) Twenty-first century plant biology: Impacts of the *Arabidopsis* genome on plant biology and agriculture. Plant Physiology 154: 497-500

Xu XM, Møller SG (2011) The value of *Arabidopsis* research in understanding human disease states. Current Opinion in Biotechnology 2011, 22:300–307

Gross M (2012) Understanding amyloid and Alzheimer's disease. Current Biology 22: R381-R384

Harter K, Weber APM (2013) Arabidopsis 2010 and beyond – big science with a small weed. Frontiers in Plant Science 4: 1

Rhee SY, Mutwil M (2013) Towards revealing the functions of all genes in plants. Trends in Plant Science 19: 212-221

International Arabidopsis Information Consortium (2018) Arabidopsis bioinformatics resources: The current state, challenges, and priorities for the future. Plant Direct. 3: 1-7

Provart NJ et al. (2020) Anno Genominis XX: 20 Years of Arabidopsis genomics. Plant Cell 32: 832-845

Meyerowitz EM (2021) Prehistory and History of Arabidopsis Research. Plant Physiology 25: 15-19