

Modelové organismy

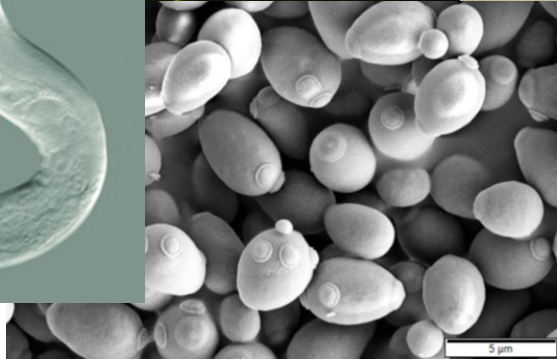
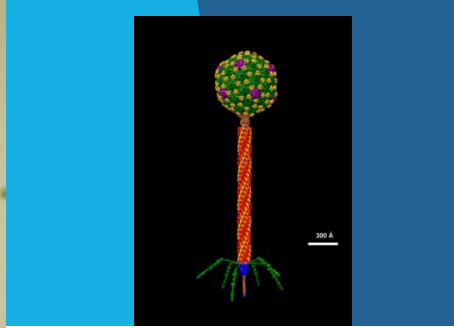
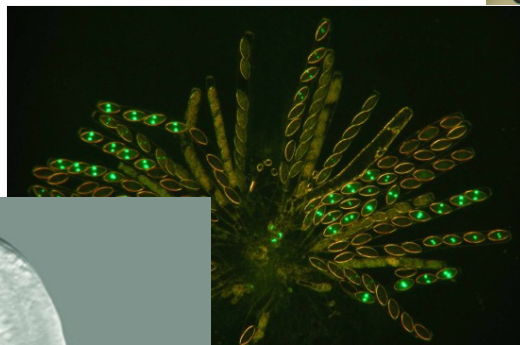
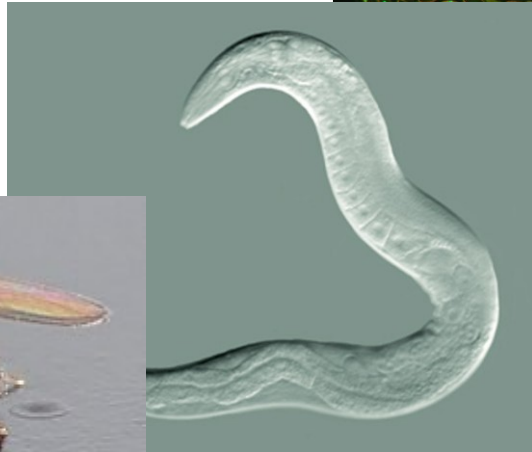
= intenzivně zkoumaný organismus k poznání a popisování obecnějších jevů a principů

např. myší modely pro výzkum rakoviny - nezajímá nás myš samotná, chceme získat poznatky a ty aplikovat v diagnostice a léčbě člověka

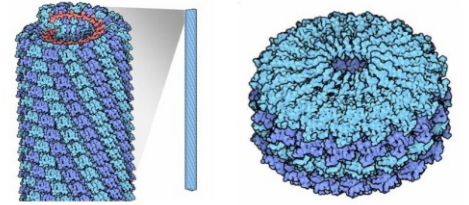
- podle čeho se vybírají modelové organismy?

- nenáročnost na pěstování/chov
- krátká generační doba, dostatek potomstva
- vhodnost pro studium daného jevu (vyskytuje se u organismu daný protein, dráha, ...?)
- znalost genomu
- velikost genomu, počet chromozomů
- dostupné techniky genového inženýrství

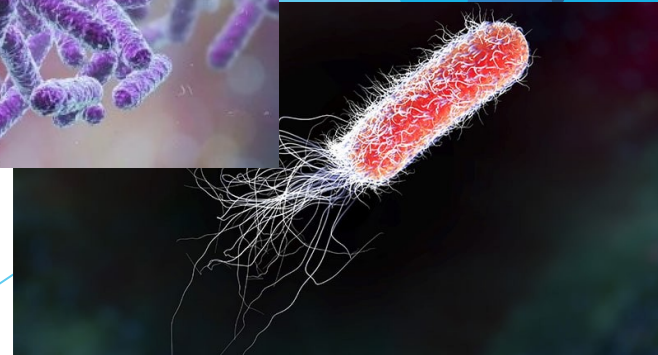
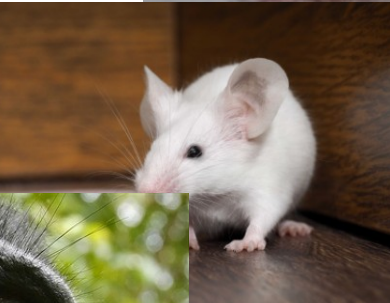
Modelové organismy



Tobacco Mosaic Virus (TMV)



Presentation by Tristan Vranizan



botillis, Saccharomyces cerevisiae, Sc

Arabidopsis thaliana - huseníček rolní



Arabidopsis thaliana - huseníček rolní



- čeled' *Brassicaceae* (brukvovité)
- rozšíření: kosmopolitní, nížiny až hory, zejména slunné stráně
- poprvé popsána Johannesem Thalem v 16. století (*Pilosella siliquosa*)
- → C. Linné - *Arabidopsis thaliana*
- k pokusným účelům poprvé využita F. Laibachem začátkem 20. století
- jako model v genetice od 40. let 20. století
- význam jako genetického modelu stále roste

Výhody *A. thaliana* jako genetického modelu

- velmi krátká generační doba
 - lze získat několik generací do roka
 - kvete za 5-8 týdnů od vyklíčení, semena dozrávají 2-3 měsíce od vyklíčení
 - genotypy rané x pozdní



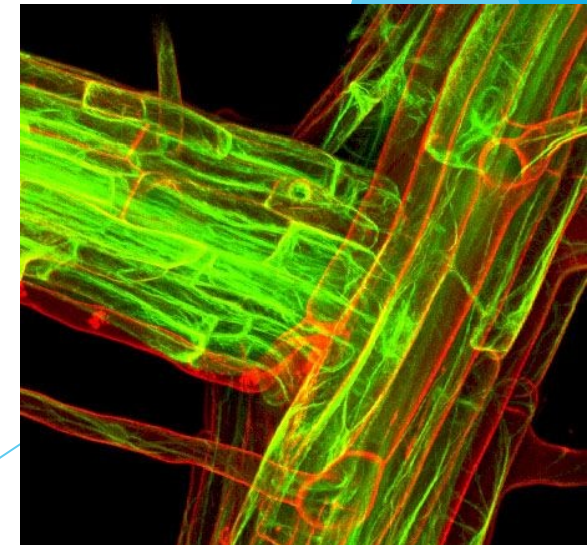
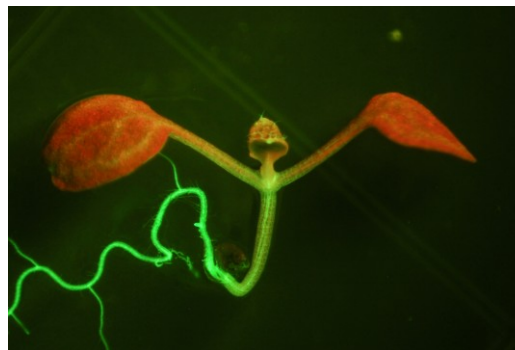
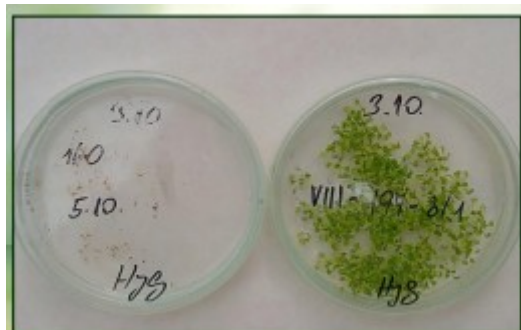
Výhody *A. thaliana* jako genetického modelu



Astronautka Cady Coleman provádí pokusy s rostlinkami *Arabidopsis* v průběhu letu na STS-93 (raketoplán Columbia, 1999)

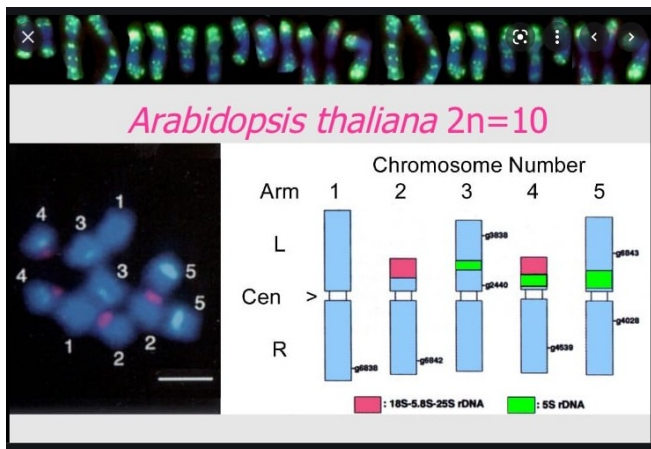
Výhody *A. thaliana* jako genetického modelu

- **velmi krátká generační doba**
 - lze získat několik generací do roka
 - kvete za 5-8 týdnů od vyklíčení, semena dozrávají 2-3 měsíce od vyklíčení
 - genotypy rané x pozdní
- **nenáročnost na prostor**
 - lze pěstovat velký počet jedinců na malé ploše (až 10 rostlin/cm²)
- **možnost pěstování na umělých médiích**
 - identifikace mutantů v biochemických drahách
 - screening rostlin na úspěšnou transgenozí



Výhody *A. thaliana* jako genetického modelu

- velký počet potomků
 - z jedné rostliny až několik tisíc semen
- schopnost samosprašení i cizosprašení
- nejmenší genom mezi vyššími rostlinami
 - 2005 - projekt sekvenování genomu
- malý počet chromozomů ($n = 5$)
 - $2n = 10$

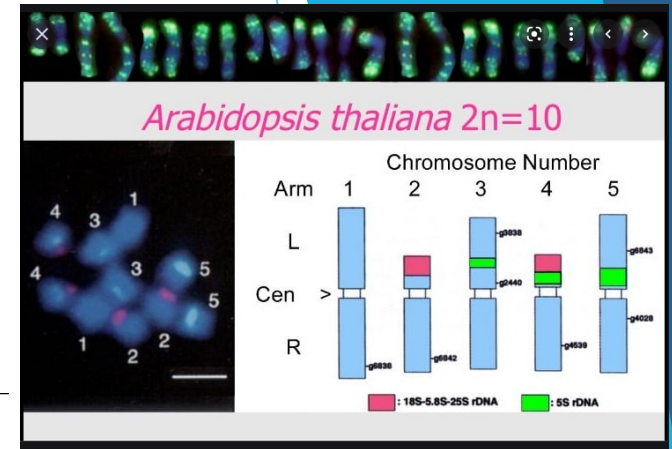
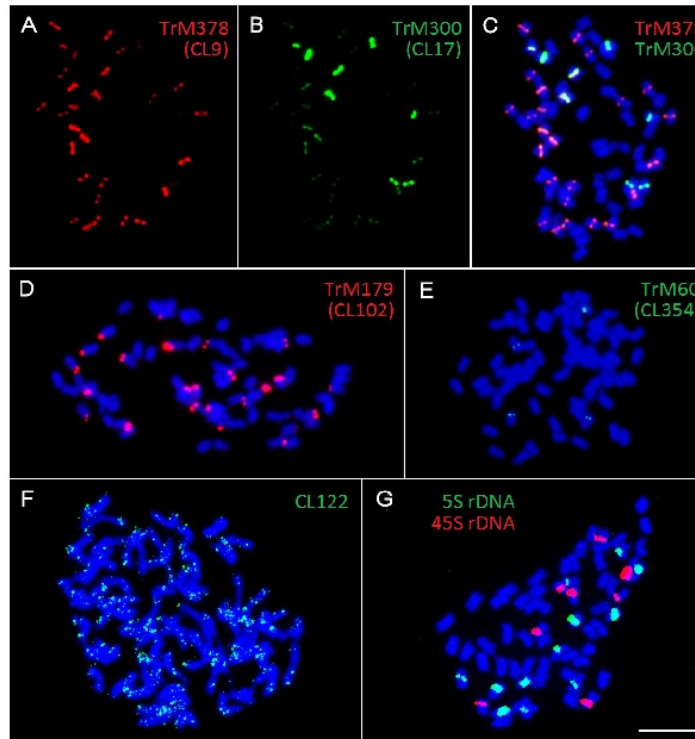
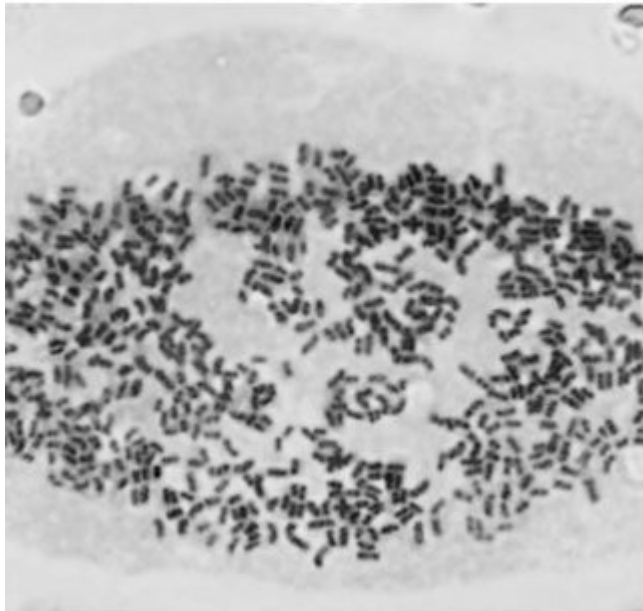


	in bp			
Mycoplasma				
Gram positive bacteria				
Gram negative bacteria				
Fungi / Moulds				
Algae				
Worms				
Crustaceans				
Echinoderms				
Insects				
Mollusks				
Birds				
Bony fish				
Cartilaginous fish				
Reptiles				
Mammals				
Amphibians				
Flowering Plants				

Rostliny:
cca 100 mil bp - 150 mld bp
vs člověk 3,2 mld bp

Výhody *A. thaliana* jako genetického modelu

- malý počet chromozomů ($n = 5$)
 - $2n = 10$

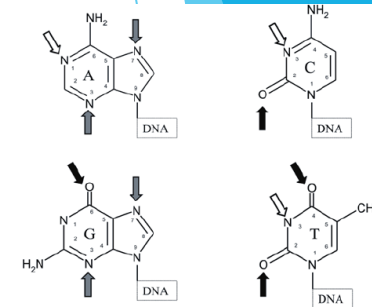


Výhody *A. thaliana* jako genetického modelu

- velký počet potomků
 - z jedné rostliny až několik tisíc semen!
- schopnost samosprášení i cizosprášení
- nejmenší genom mezi vyššími rostlinami
 - 2005 - projekt sekvenování genomu *Arabidopsis* (125 MB, 26 500 genů)
- malý počet chromozomů ($n = 5$)
 - $2n = 10$
- rozsáhlá kolekce mutantních linií a přírodních ekotypů
- vysoce účinná transformační metoda přípravy transgenních rostlin a T-DNA mutantů

Mutace u *A. thaliana*

- 1945 Erna Reinholz - 1. kolekce indukovaných mutantů
- 1. použitý mutagen - paprsky X (RTG)
- klasická mutageneze - fyzikální mutageny (RTG, γ , teplota,...)
 - chemické mutageny (EMS, MNU, MMS)
 - nemutagenní látky u *A. thaliana* - ethanol, některé herbicidy (azid sodný, maleinhydrazid)
- inzerční mutageneze - pomocí metod genového inženýrství
 - mutagenem je DNA



Pozorování vybraných mutantních linií

Col (Columbia) - standardní rostlina

Změny zbarvení

chm₃ (chlorominuta) - dělohy a listy světle zelené, starší listy tmavší

lc (lucida) - dělohy a listy žlutozelené

Změny tvaru listů a v době kvetení

iv (involuta) - listy drobné, složené podél hlavního žebra, velmi rané kvetení

Změna celkového vzhledu rostliny

cn (convoluta) - dělohy, řapíky a stonky stočené kolem své osy proti směru hodinových ručiček,
listy v růžici také stočené

cp2 (compacta) - polozakrslé rostliny **

(Pozměněná stavba trichomů

gl2 (glabra) - rudimentované a chybějící trichomy

sti (stichel) - nevětvené (jednočetné) trichomy)

Pozorování vybraných mutantních linií

Col (Columbia) - standardní rostlina

1. *chm (chlorominuta)*
2. *iv (involuta)*
3. *lc (lucida)*
4. *cn (convoluta)*
5. *cp2 (compacta)*

Zdroje pro nadšence

<https://www.arabidopsis.org/>

The screenshot shows the TAIR website interface. At the top left is the TAIR logo (a green flower) and the text "tair". To the right of the logo are navigation links: Home, Help, Contact, About Us, and Login. Below these is a search bar with the text "Gene" and a "Search" button. A horizontal menu below the search bar contains the following items: Search, Browse, Tools, Stocks, Portals, Download, Submit, and News.

The Arabidopsis Information Resource

The Arabidopsis Information Resource (TAIR) maintains a [database](#) of genetic and molecular biology data for the model higher plant *Arabidopsis thaliana*. Data available from TAIR includes the complete genome sequence along with gene structure, gene product information, metabolism, gene expression, DNA and seed stocks, genome maps, genetic and physical markers, publications, and information about the Arabidopsis research community. Gene product function data is updated every two weeks from the latest published research literature and community data submissions. Gene structures are updated 1-2 times per year using computational and manual methods as well as community submissions of new and updated genes. TAIR also provides extensive linkouts from our data pages to other Arabidopsis resources.

The Arabidopsis Biological Resource Center at The Ohio State University collects, reproduces, preserves and distributes seed and DNA resources of *Arabidopsis thaliana* and related species. Stock information and ordering for the ABRC are fully integrated into TAIR.

Breaking News

New GO bar charts
Try our new bar charts to visualize GO annotation categories for your gene set or the whole genome. ([see details](#))

GBrowse now at TAIR
View TAIR genome map data using the GMOD generic genome browser, or upload your own genome data track ([see details](#))

Perlegen SNPs now available
249,052 high-quality SNPs from Perlegen resequencing arrays now available from TAIR [polymorphism search](#) and [SeqViewer](#). Over 1 million SNPs (various false discovery rates) and 13,470 predicted highly polymorphic or deleted regions available on [TAIR FTP site](#).

The GBrowse interface shows two gene tracks. The top track is labeled "AT1G07770" and "protein_coding_gene". The bottom track is labeled "AT1G07770.1". The top track is also labeled "AT1G07780" and "protein_coding_gene". The bottom track is also labeled "AT1G07780.1". The tracks show gene models with exons and introns.

Zdroje pro nadšence

http://arabidopsis.info/

- Stock Catalogue**
 - Search Catalogue
 - Search Ecotypes
 - Photograph Collection
 - Browse by Collections
 - Stock Overview
 - Price Information
 - Shopping Basket
 - Ordering FAQ
 - How to Order
 - Help
- Bioinformatics**
 - Bioinformatics Pages
 - Homepage
- Arabidopsis**
 - What is Arabidopsis?
 - Growing Arabidopsis
 - Crossing Arabidopsis
- Plant Calendar**
 - Subscribe

prev	SEP 2021							next
S	M	T	W	T	F	S		
29	30	31	1	2	3	4		
5	6	7	8	9	10	11		
12	13	14	15	16	17	18		
19	20	21	22	23	24	25		
26	27	28	29	30	1	2		

Hybrid | Plant and Human Sulfur Biology and Glucosinolates

Sun Sep 26th - Thu 30th

Germplasm Search Page

Help with the basic search.

Search:

Whole Database

For

Go

Hint - Use * for wildcard (e.g. aux*). Place multiple words in ". For exact match (e.g. "small roots").

Hint - for multiple lines please drop the list of names or stock-codes into the box and confirm each line after pressing [go].

Help me order lists / multiple lines

Alternative searches

[Advanced search](#)

[Browse collections](#)

[Ontology browser](#)



[Ecotype search](#)

Protokol 1 - Pozorování štěpení recesivně letálního znaku *albina* u monohybrida

Mutace *albina* patří mezi chlorofylově defektní mutace

Chlorofylově defektní mutace: *chlorina*
xantha
albina

Charakteristika použité mutace *albina*:

Pořadové číslo: 78

Název mutace: *albina*

Pozadí: S96

Použitý mutagen: X 12kr

Generace: M_2

Fenotyp: klíčící rostlinky bílé, bez chlorofylu, homozygotně letální

- Petrička - zemina - zasázet semínka - navlhčit zeminu se semínky - zalepit parafilmem

- POČÍTAT SEMÍNKA PŘI SÁZENÍ

- POPSAT VAŠI PETRIČKU !!! - ZNAČKA, SKUPINA, ČÍSLO ZE SÁČKU

Protokol 1 - Pozorování štěpení recesivně letálního znaku *albina* u monohybrida

- Petrička - zemina - zasázet semínka - navlhčit zeminu se semínky - zalepit parafilmem
- POČÍTAT SEMÍNKA PŘI SÁZENÍ
- POPSAT VAŠI PETRIČKU !!! - ZNAČKA, SKUPINA, ČÍSLO ZE SÁČKU
- Princip: působení mutagenem na semena → z nich vyklíčila M1 generace (Aa) → samooplození F1 rostlin → křížení Aa x Aa
- Pozorujete štěpení recesivně letálního znaku *albina* u monohybrida Aa
- → očekáváte v potomstvu štěpný poměr 3 : 1 (AA Aa Aa aa)
- → budete ověřovat chí-kvadrátem