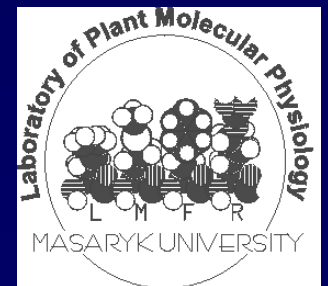


Základy proteomiky 2011

Proč právě proteomika?

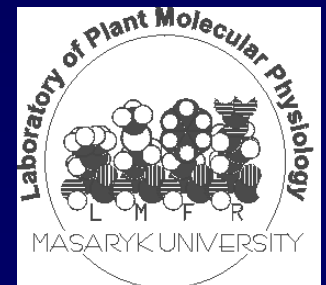
Jan Hejátko



Základy proteomiky 2011

▪ Schéma přednášek ze Základů proteomiky 2011

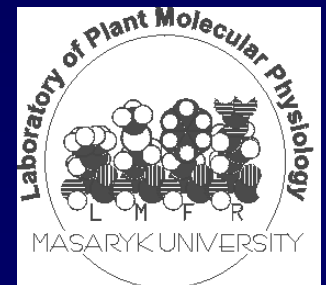
- Proč právě proteomika? (Jan Hejátko)
- Exprese a purifikace rekombinantních proteinů (Radka Dopitová)
- Funkce proteinů (Lubomír Janda)
- Určování třírozměrných proteinových struktur metodami proteinové krystalografie (Jaromír Marek)
- Dvoudimenzionální elektroforéza (Hana Konečná/Jana Bursíková)
- Hmotnostní spektrometrie proteinů (Zbyněk Zdráhal)



Základy proteomiky 2011

Proč právě proteomika?

- Postgenomová éra a co s informacemi, které neumíme číst
- Genotyp vs. fenotyp, aneb co všechno se děje při vyjadřování
- Od genu k proteinu a zpět
- Přístupy současné proteomiky
 - exprese, purifikace a analýza rekombinantních proteinů
 - analýza vztahu mezi strukturou a funkcí proteinů
 - diferenční proteomika
 - analýza posttranslačních modifikací



Základy proteomiky 2011

Proč právě proteomika?

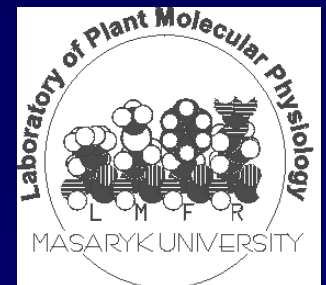
- PROTEOME = PROTEins expressed by genOME (konference 2-D ELFO, Siena, 1994)
 - DNA: GENOME, HAPLOME, EPIGENOME
 - RNA: TRANSCRIPTOME
 - PROTEIN: ORFEOME, PROTEOME, LOCALISOME, INTERACTOME, METABOLOME, PHENOME, ...
 - PHENOME: kombinace různých dat, zahrnujících fenotyp, expresní data různých (ideálně všech) genů daného organismu a proteinová data (interakce, jednotlivé vlastnosti proteinů, ...)
- Proč vůbec studovat proteiny, když máme tolik genetických dat? (sekvence genomů, expresní profily genů, fenotypy mutantů,...?)



V koncovém výsledku, tedy *fenotypu*, se vždy projeví regulace na všech úrovních, od genu po protein a jeho modifikaci



Na konci je vždy **BIOLOGICKÝ PROBLÉM !!!!**



Anotace genů a odhad aminokyselinových sekvencí předpokládaných proteinů

Postgenomová éra a co s informacemi, které neumíme číst

- dnes k dispozici v databázích více než 700 000 záznamů (nr databáze) různých organizmů
- Získané informace lze zpracovat pomocí **bioinformatiky**



```
19470700 cacacctatagtatagctcaattctagataaaaatatagaaatggatcttgagaatcatttttttggattcttttggta
gctccgaggaagaagataaataatgaaaagagcttttttagggttatcattctccttgacttgcacaaacgtgaaatgtaaggca
19470500 tgttgctttttatatacgtatcgtctcctacaataagtttaacaatgctcctcgtagaattgcacaaacatttgggaccgtgatt
ttcagtggtctcttgcagcagctctctccttgaggactaatcaagacagaaatctgtctctcaaaacgatcgcggtctc
19470300 ttgacgagcttgatctttagaatcaaatttataagggatcacgagatcacgctattaattatttttttttttttggctt
tcactcaaatgatgggtaaagttaaaaagcttggtctcactcacaatgtggtctttgogtccctggaatctgctctct
19470100 atgattctacatttctactcatctcgtctctgtttttcaaatgatataaattattgtgtgtatatacccatcattgatatatt
ttcctgggtggttggtttcogagtgcatttggatctcaaatggcgaacaacaacggagaacctagtcaagaggtcgctcatt
19469900 caagtctagtttcggagattgaaaacatcggaaaatttacatagccaagacaaccttatacagcaggttttagcggaggt
caacaacgacactggtttacagagattcaaacacaggttgttaaaactaattacataaattcaattcttagttatattc
19469700 tataaacatttaactataaatttatgttgggttgggttgggttattattgttcttcagatcgcacattgttggttgagctt
gtctcacaagtttcgtacatcagtagggacggctctcatgtttcttacattgcagaatcaaacacaagtgctgctgttttgc
19469500 caagtcgtggagactacacttggtagactcaaacctggatcagtttaactggctgcttcaacgggaactcaacgaaatctca
tacagattggttccaagcagcacagagtaataactacactacagcctttgtaggaacgagctggggaggagaagataacgag
19469300 gttagcttgcagcaagaaggcttctgtttccttttagggttccggtttaagactttaacogaagtttgaaacaggttgaactc
acatgtggacaaaggacgggacgggtgcttctcgtgaaggttcaactgaatgatctcttctcactccaatggctcgatttgc
19469100 ctcctctggtctcaatgcatcctcgtgaaattgcagttccagtggtcagaggtggagatcaaaaagattagataccaagctt
gttcggggtctcctcgtgtaaaactgaaacataattcactttgatgcagtaaaaatgcatcgactgttgttctcagctt
19468900 tttgccagagatacacactcatttcccaacaaggaggagcaaacgcacacagcaccacgaagcgaagcgaagcgaagcgaagcga
atttcttggcttcgggtggcctgtatggtttgtgtgggttatgatgcaagcaacaaggagagagatgcatagctgcaacgc
19468700 ggcacacaacaagctgagagaaagagatgaacaagagtcagcatttgcacaaatgctagccacgatattagaggtgcccctgc
ttgatatagtcgtgatggagttaaacctggctccgacgtagacaccactcacaacagtgaaatgtttgcccgaaggttgc
19468500 tctttagcttctctatgcgctttctcactctctcactcaacagaaaattctctcactgttggtaaaattacagcttctc
tgagcaaaatcgaaagcgggaagatgcagttagtggagaagatttcaacttctgcgaaacttcttgaagacgtcatcgattt
19468300 gaagaaagggtttagttagttttggatccgacagatggctcgggtttcaaaattctcgaatgtacagaggggatagtgccagac
aatcttgttagcaatgctgtcaagttcaccgtcgacgggacacattgcggaagagcttgggctcagagggccaggttccaata
19468100 catabcctaagggtgtgtccaagtttgaagagatggttctgcaagaataaagaagagtcatacaacctacgagacagaaata
caatgcaaacacgatggagtttgggttgaagtgatgatactggtaaaaggatacctatggagatgcgtaagtcggatttgc
19467900 agagaaacagctcaaggacaccaaggaactggtttagggtcgggatgtgacagcttgggtaagctactaaacagacaacc
taaatctagatggtttctatttgggtctattattataggttaagatgaatgggaggggagataagaatcaccgacaaggccat
19467700 gtttccaattcaatgtttattgacaacattagagctcctcctcagtgagtgacatgaaagtgagcaggagatcgaagcagg
gccaaacctcgggctgactataaacacttcacttggaggtagcatgaatatacgtaacctgagctcctagattcaacaactgct
```

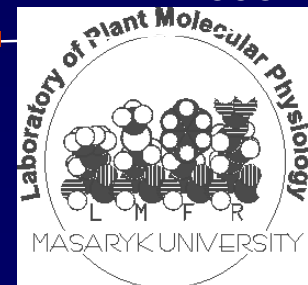
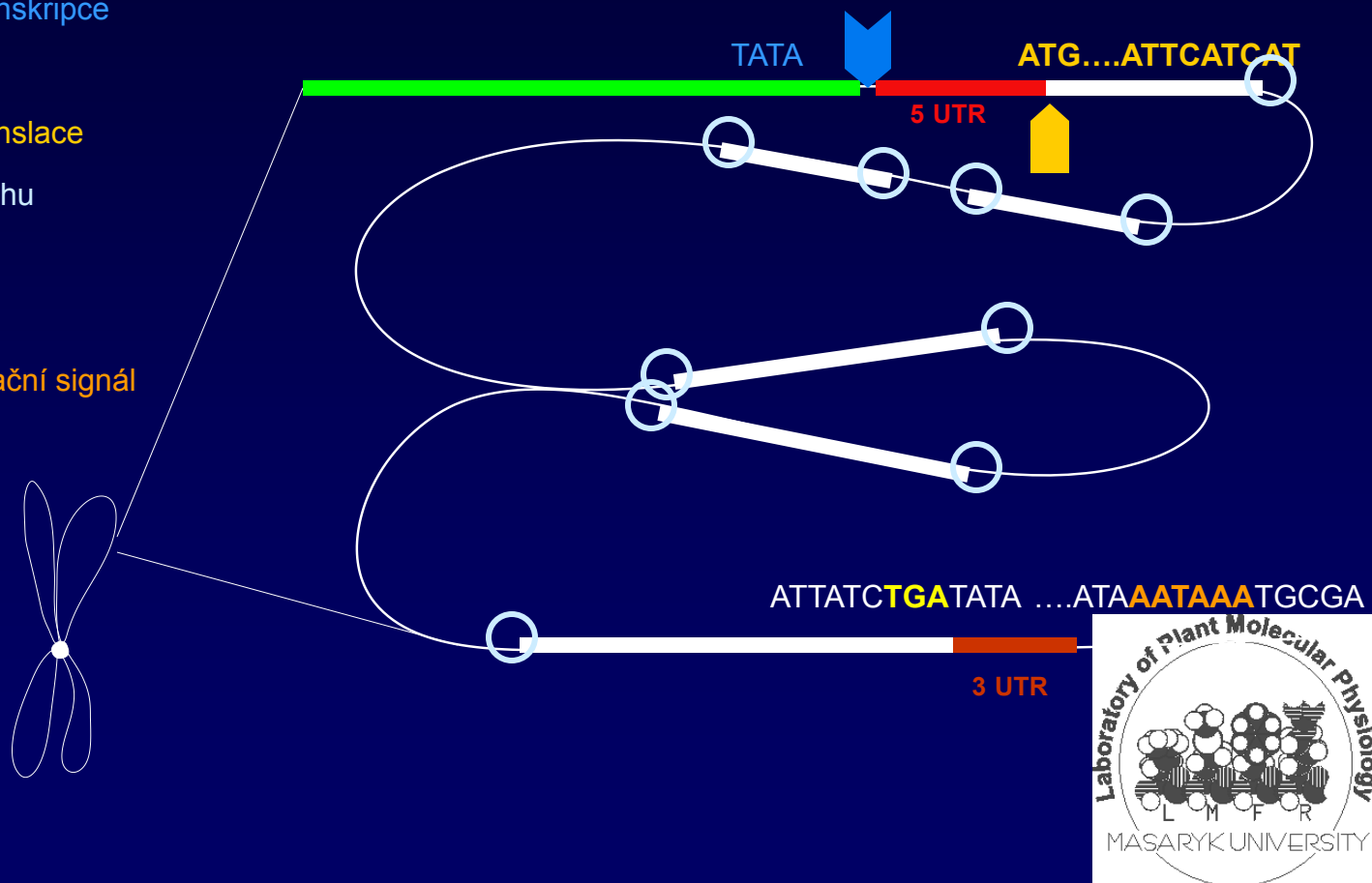


Predikce funkce genů *in silico*

struktura genů

- struktura genů

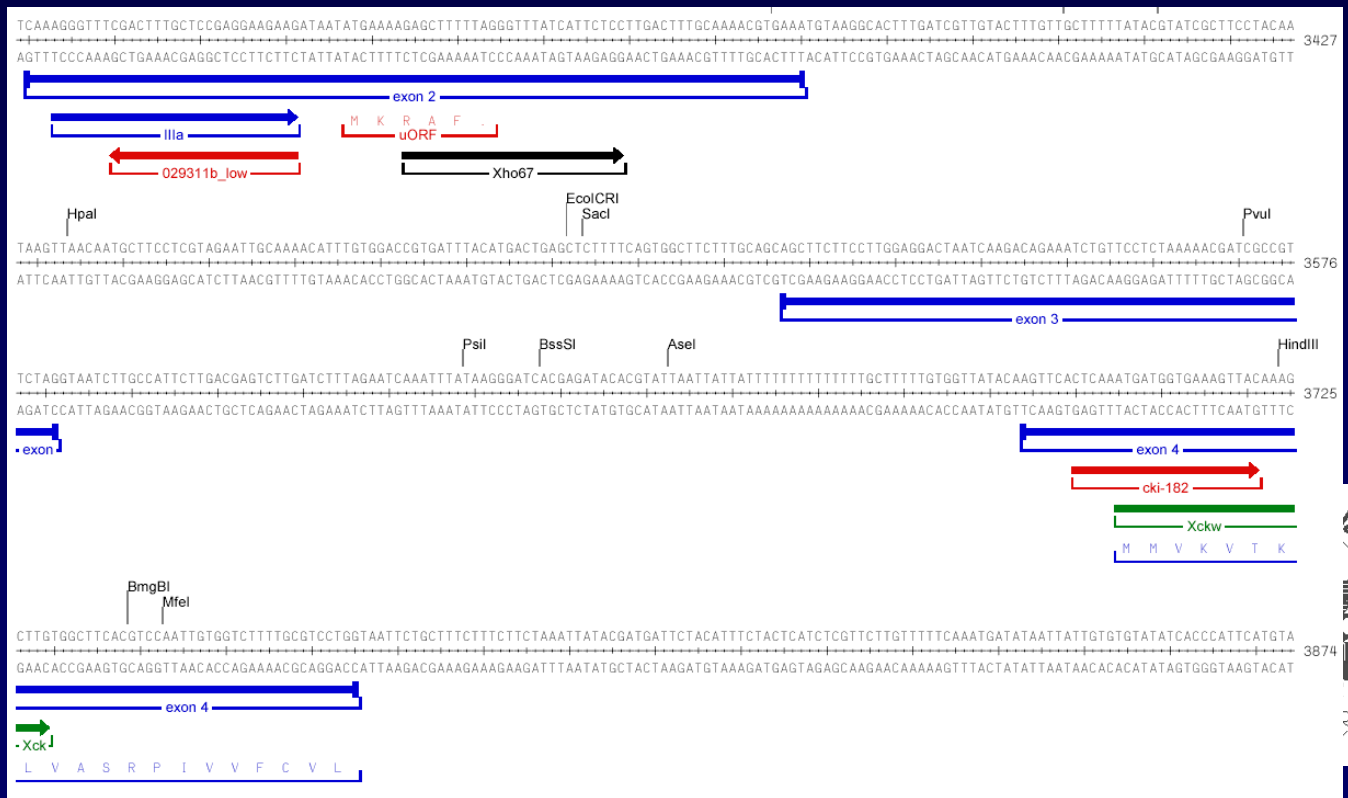
- promotor
- počátek transkripce
- 5 UTR
- počátek translace
- místa sestřihu
- stop kodon
- 3 UTR
- polyadenylační signál



Anotace genů a odhad aminokyselinových sekvencí předpokládaných proteinů

Postgenomová éra a co s informacemi, které neumíme číst

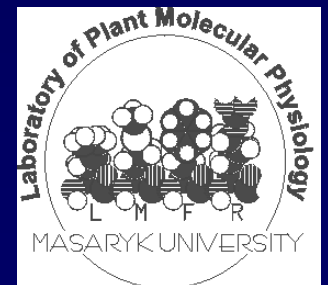
- dnes k dispozici v databázích více než 700 000 záznamů (nr databáze) různých organizmů
- Získané informace lze zpracovat pomocí **bioinformatiky**



Základy proteomiky 2011

Proč právě proteomika?

- Postgenomová éra a co s informacemi, které neumíme číst
- Genotyp vs. fenotyp, aneb co všechno se děje při vyjadřování

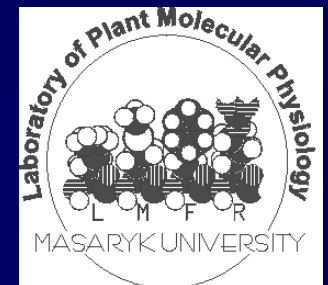


Genotyp vs. fenotyp, aneb co všechno se děje při vyjadřování

- Genom vs. Proteom



Danaus plexippus (monarch)



Genotyp vs. fenotyp, aneb co všechno se děje při vyjadřování

Možná analogie s textem a jeho interpretací

DNA:

Když adoperbtabijsemdfjfwúcsaknclůsnínjxldalnxckjcnbychcxmasizdciksrdceasnanazxcnlsdlaň.

Když-----jsem-----snídal ní-----dal-----bych-----si-----srdce.-----na-----dlaň.

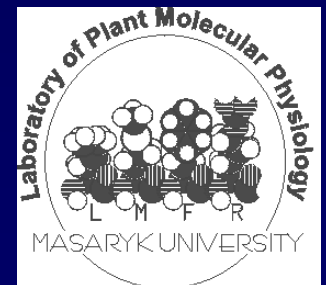
RNA:

Když jsem s ní, dal bych si srdce na dlaň.

Když jsem s ní, dal bych si srdce na dlaň.

Když jsem snídal srdce.

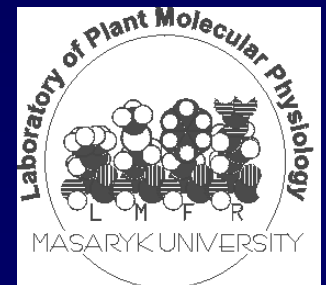
PROTEIN:



Základy proteomiky 2011

Proč právě proteomika?

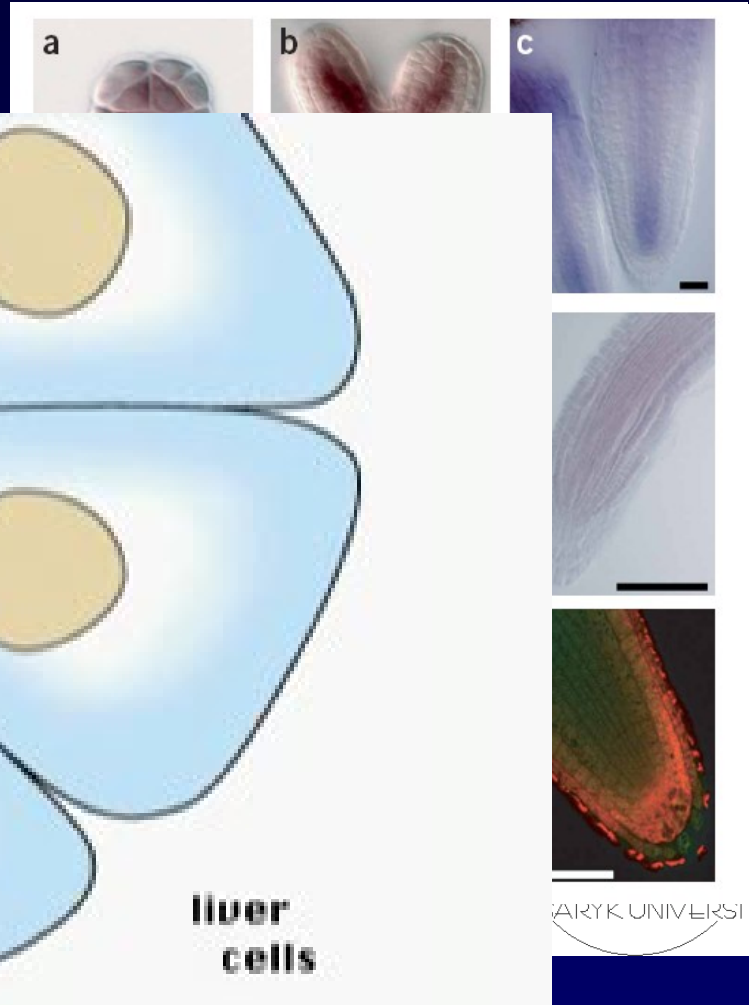
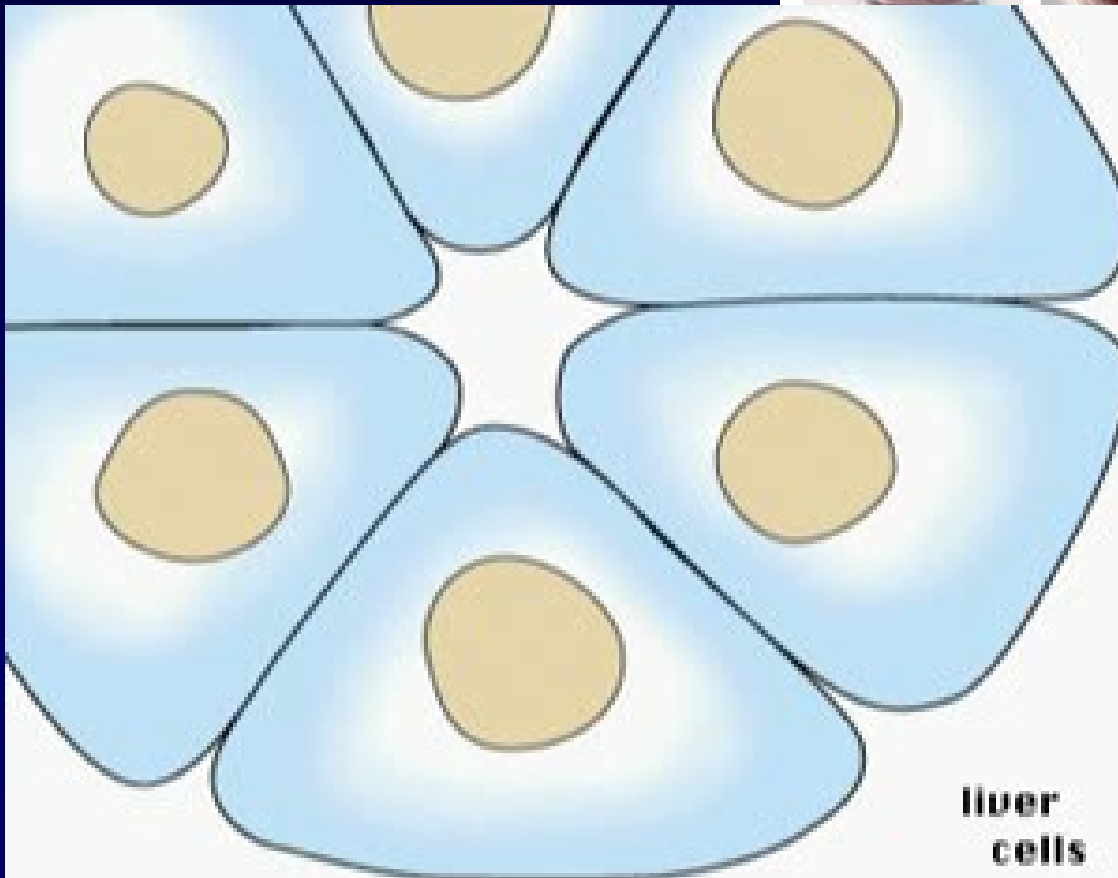
- Postgenomová éra a co s informacemi, které neumíme číst
- Genotyp vs. fenotyp, aneb co všechno se děje při vyjadřování
- Od genu k proteinu a zpět



Od genu k proteinu a zpět

Mechanismy uplatňující se při vyjadřování genetické informace

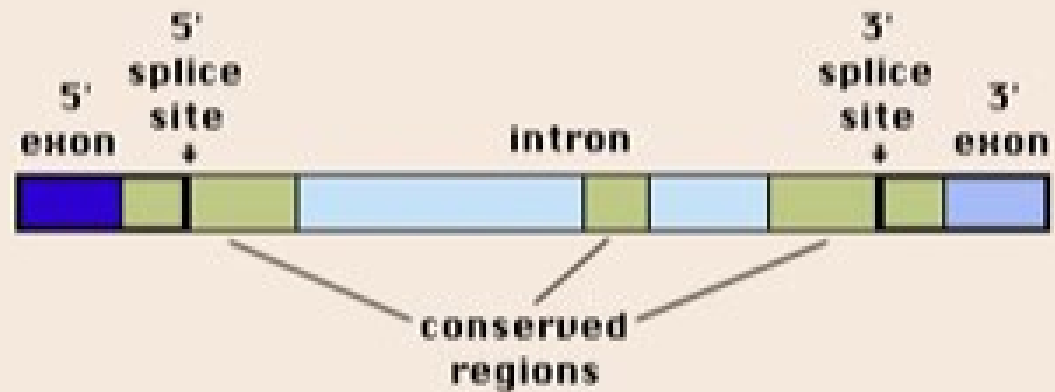
- regulace transkripce



Od genu k proteinu a zpět

Mechanismy uplatňující se při vyjadřování genetické informace

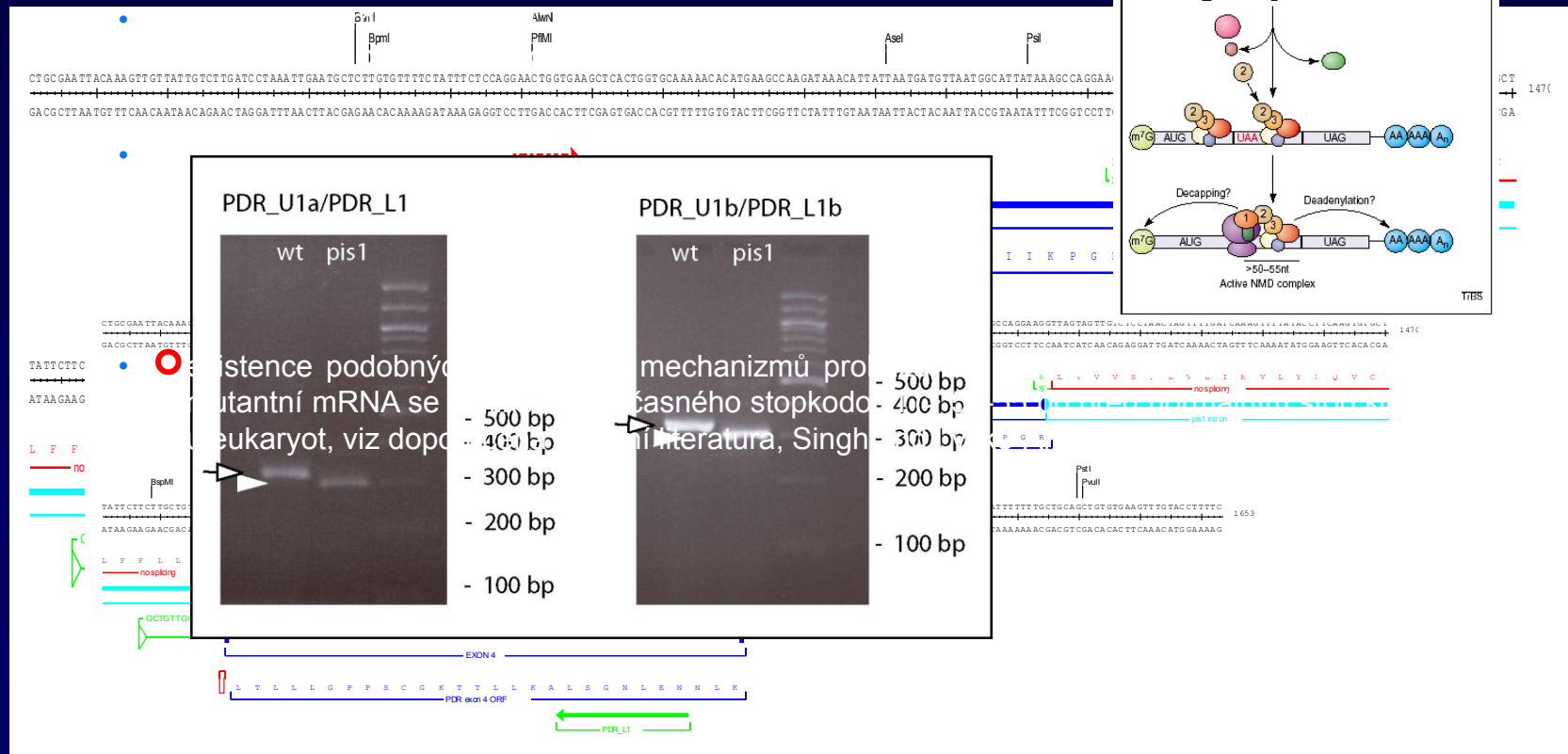
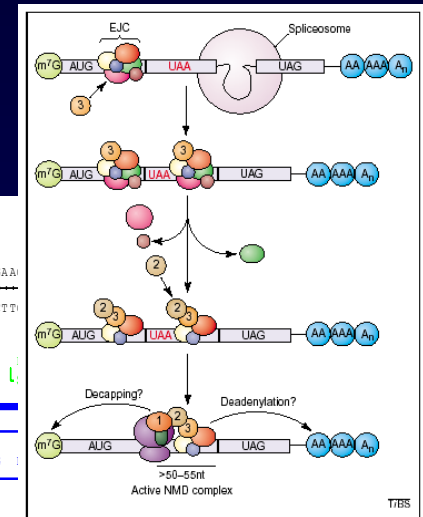
- regulace transkripce
- sestřih RNA



Mechanismy uplatňující se při vyjadřování genetické informace regulace transkripce

- odchyly rozpoznávání míst sestřihu u rostlin v praxi - příklad vývojové plasticity (nejen) rostlin

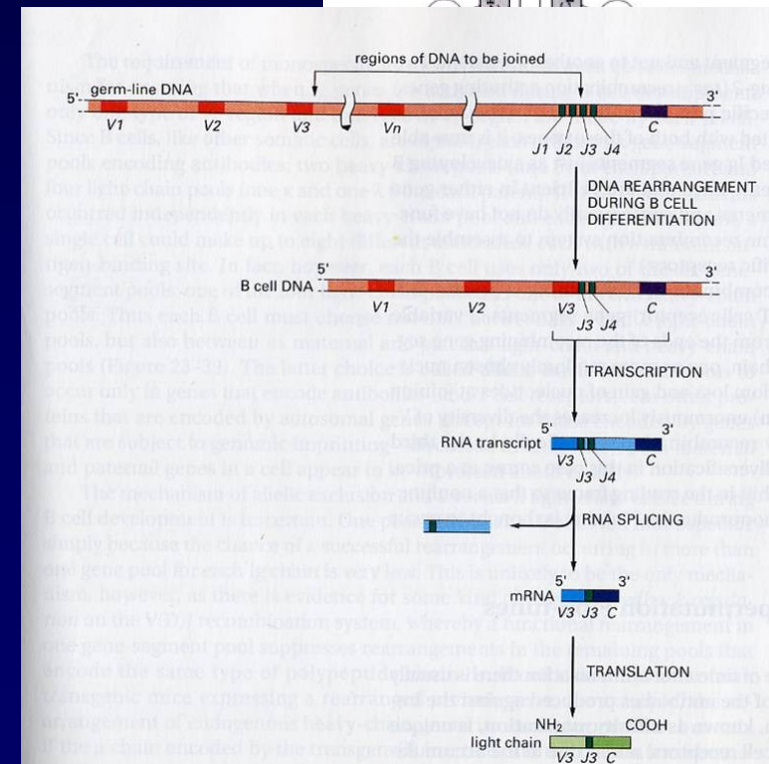
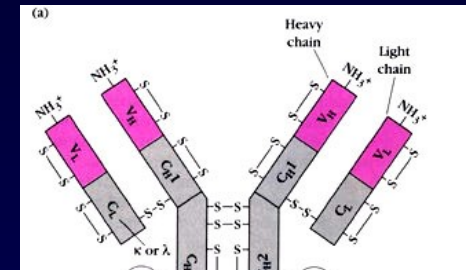
- identifikace mutantu s bodovou mutací (tranzice G→A) přesně v místě sestřihu na 5' konci 4. exonu



Mechanismy uplatňující se při vyjadřování genetické informace přeskupování subgenů při produkci protilátek

Přeskupování subgenů jako specifický mechanismus při produkci protilátek

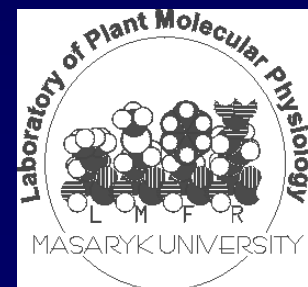
- protilátky variabilní oblast (V) a konstantní oblast (C) a lehký (L) a těžký (H) řetězec
 - každá z V oblastí L řetězce u myši je kódována 2 subgeny (V a J)
 - každá z V oblastí H řetězce u myši je kódována 3 subgeny (V, J a D)
- v zárodečných liniích myších B-lymfocytů dochází k tzv. **kombinatorické diversifikaci** (přeskupování) **subgenů** (místně-specifickou rekombinací)
 - L řetězec (κ): cca 300 V sub-genů a 4 J subgeny (**$300 \times 4 = 1200$** možností)
 - H řetězec: cca 500 V sub-genů, 4 J subgeny a 12 D subgenů (**$500 \times 4 \times 12 = 24000$** možností)
- celkové množství kombinací u myši: cca $1200 \times 24000 = 28$ mil. různých V oblastí (protilátek rozpoznávající různé antigeny)
- antigen indukuje tzv. **afinitní dozrání** mechanismem **somatické hypermutace**
 - po aktivaci B-lymf. pomocnými T-lymf. dochází ke zvýšenému výskytu mutací ve V oblastech (1 mutace/V oblast/generaci, cca 1 mil. X vyšší než je obvyklé (např. u tzv. „house-keeping“ genů) a selekci protilátek se zvýšenou afinitou k antigenu



Od genu k proteinu a zpět

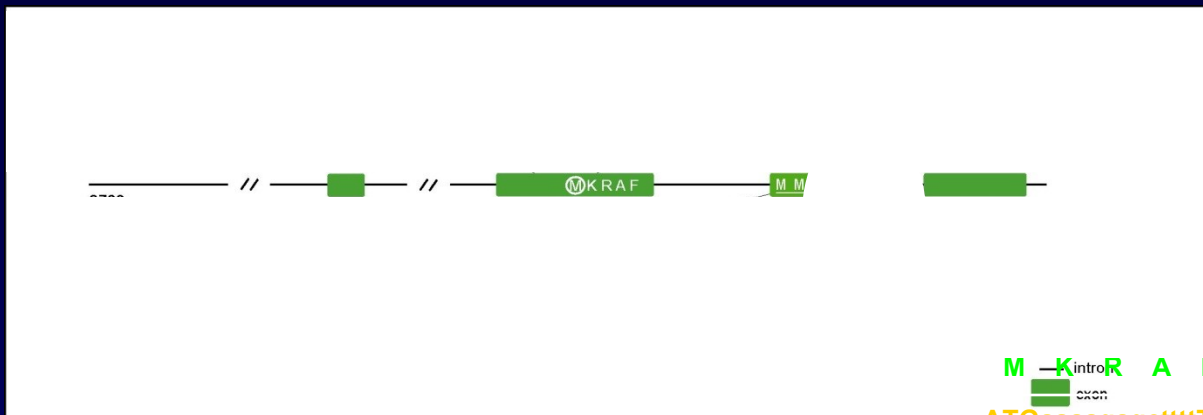
Mechanismy uplatňující se při vyjadřování genetické informace

- regulace transkripce
- sestřih RNA
- translační represe

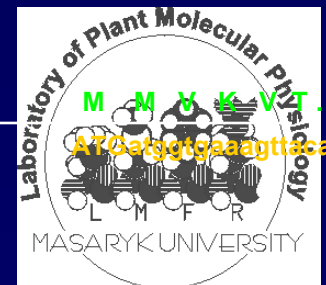


Regulace genové exprese mechanismem translační represe

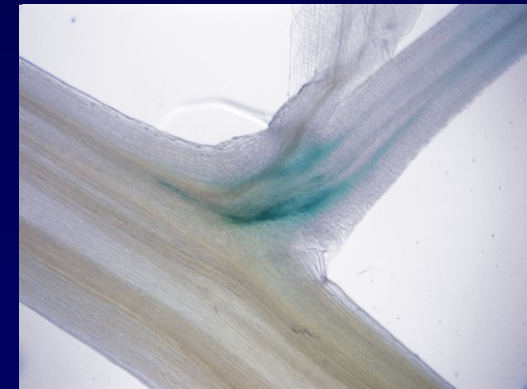
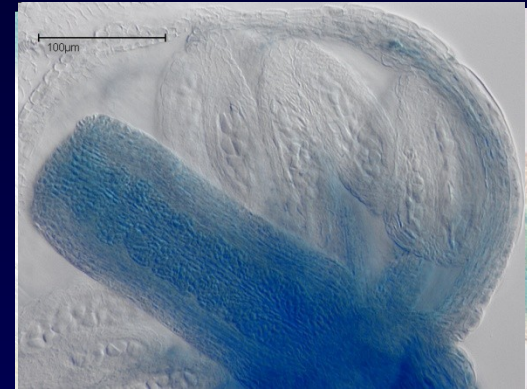
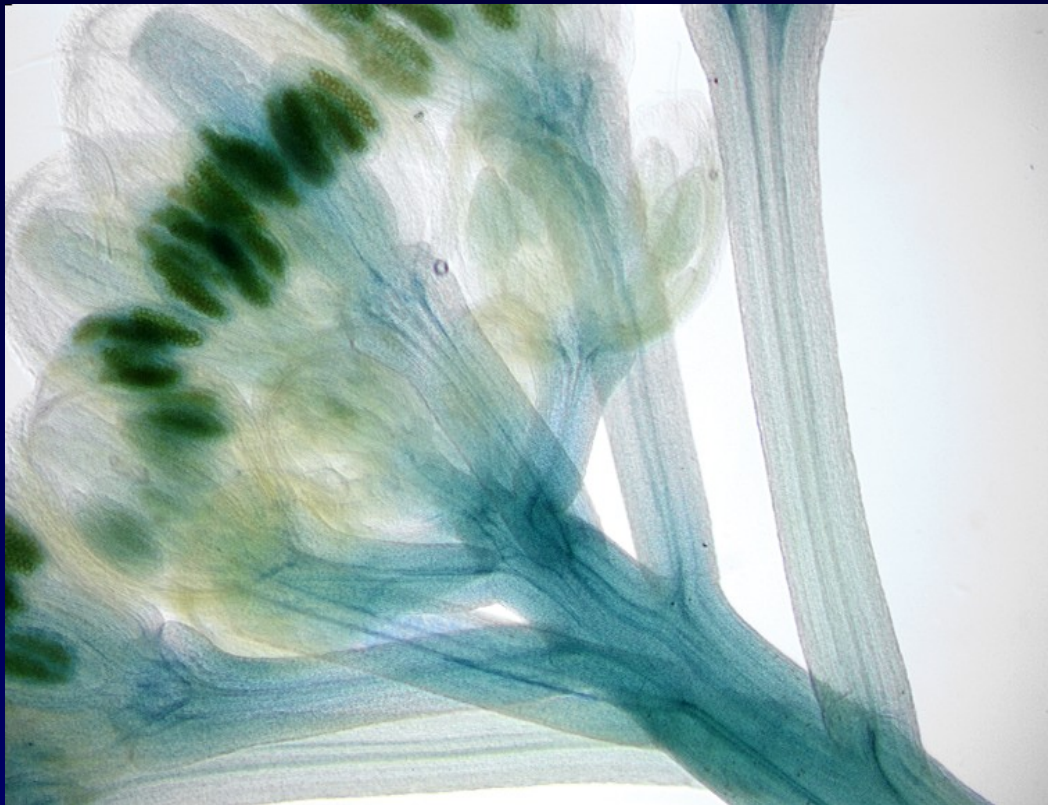
- Funkční význam sestřihu v nepřekládaných oblastech - důležitá regulační součást genů



- V případě CKI1 pokus prokázat tento způsob regulace genové exprese pomocí transgenních linií nesoucích *uidA* pod kontrolou dvou verzí promotoru, zatím nepotvrzeno



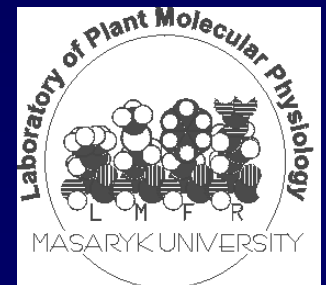
Expression of *CK11* in Diploid Generative Tissue Inflorescence



Od genu k proteinu a zpět

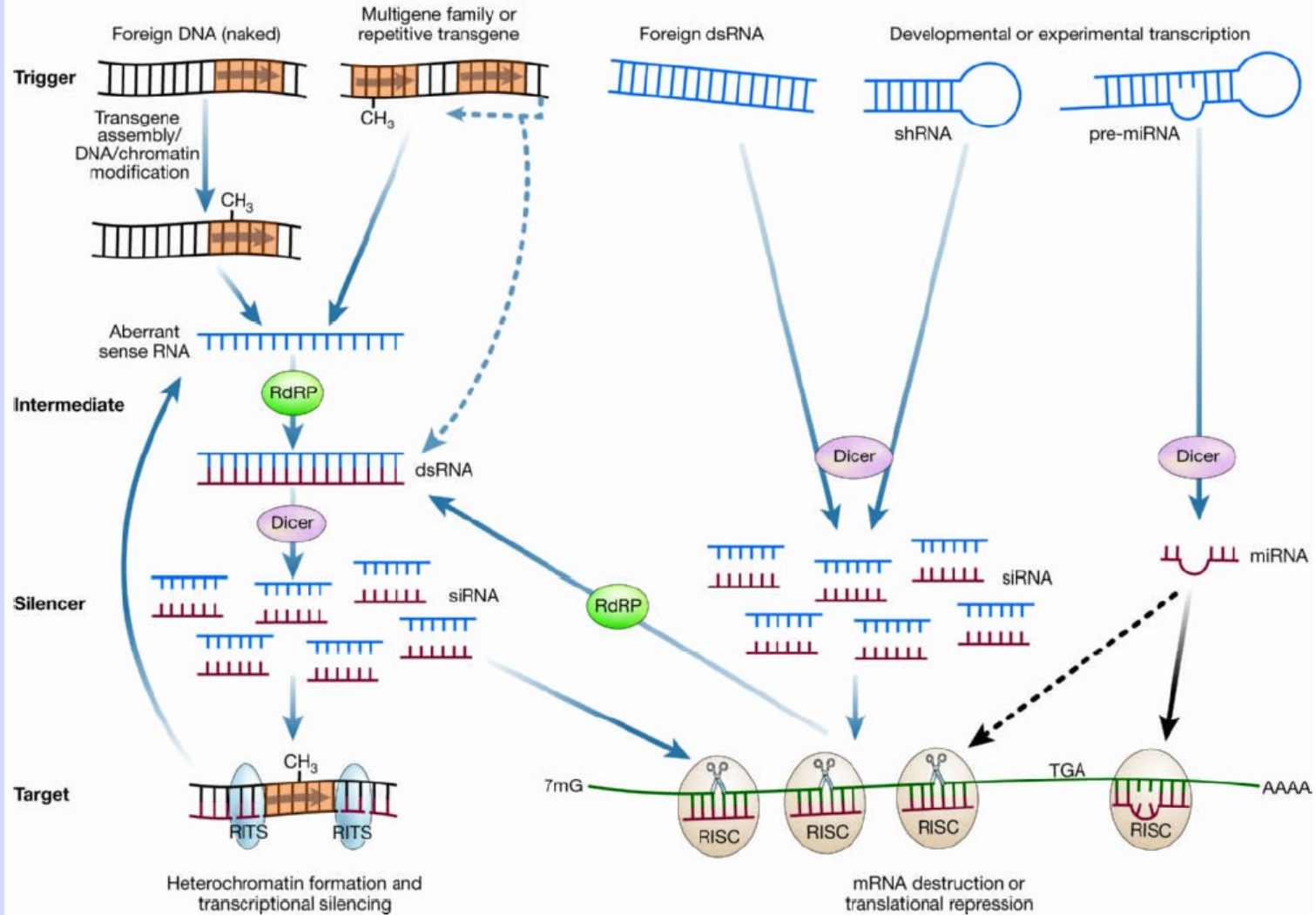
Mechanismy uplatňující se při vyjadřování genetické informace

- regulace transkripce
- Sestřih RNA
- translační represe
- posttranskripční umlčování mechanismem siRNA



Od genu k proteinu a zpět

umlčování genů mechanismem RNA interference (RNAi)



The Nobel Prize in Physiology or Medicine 2006

"for their discovery of RNA interference - gene silencing by double-stranded RNA"



Andrew Z. Fire

USA

Stanford University School of Medicine
Stanford, CA, USA

b. 1959

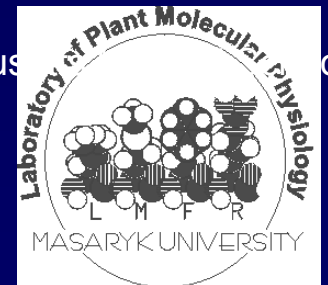


Craig C. Mello

USA

University of Massachusetts
Worcester, MA, USA

b. 1960



Od genu k proteinu a zpět

transkripční umlčování mechanismem siRNA

květů u *Arabidopsis* prostřednictvím miRNA

vývoje květních orgánů u rostlin

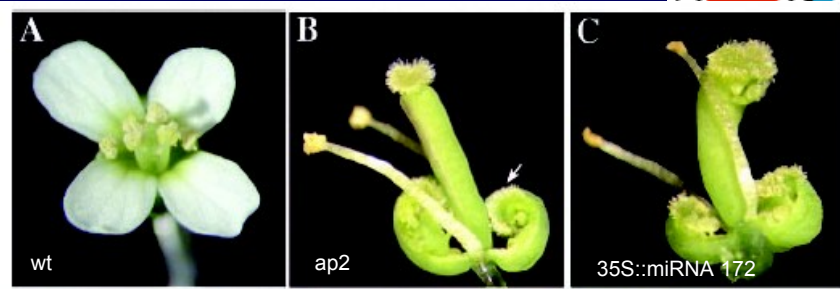
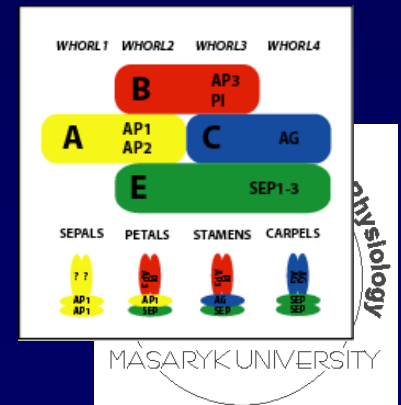
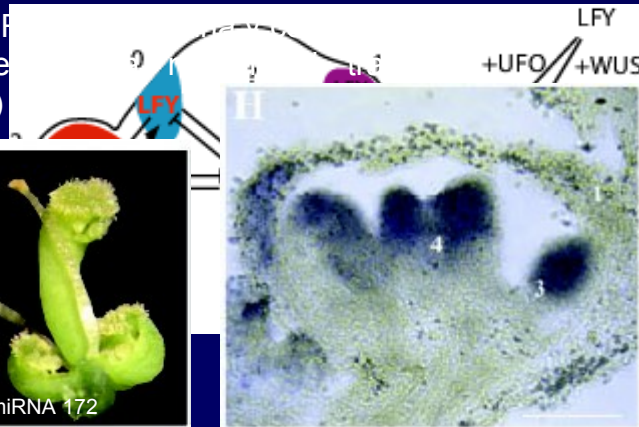
u květních orgánů dochází k určování identity jednotlivých květních orgánů pomocí transkripčních faktorů z kladu homeotických genů

tyto geny kódují většinou rostlinné homology MADS-box

U Arabidopsis pomocí těchto genů dochází k tzv. katastrálním změnám tvaru květních orgánů. Tento proces je regulován tím, že jeden gen inhibuje expresi dalšího

- např. *AP1* je nejprve aktivní v celém květním meristému, po indukcii exprese *AG* pak *AG* inhibuje expresi *AP1* ve vnitřních dvou kruzích

- výjimkou je expresi genu *AP2*, jehož expresi v květním meristému, ale expresi *AP2* je reprimována v květním meristému prostřednictvím miRNA (gen miRNA 172)

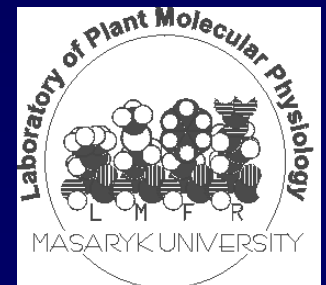


in situ lokalizace miRNA172 v 3. a 4. kruhu

Od genu k proteinu a zpět

Mechanismy uplatňující se při vyjadřování genetické informace

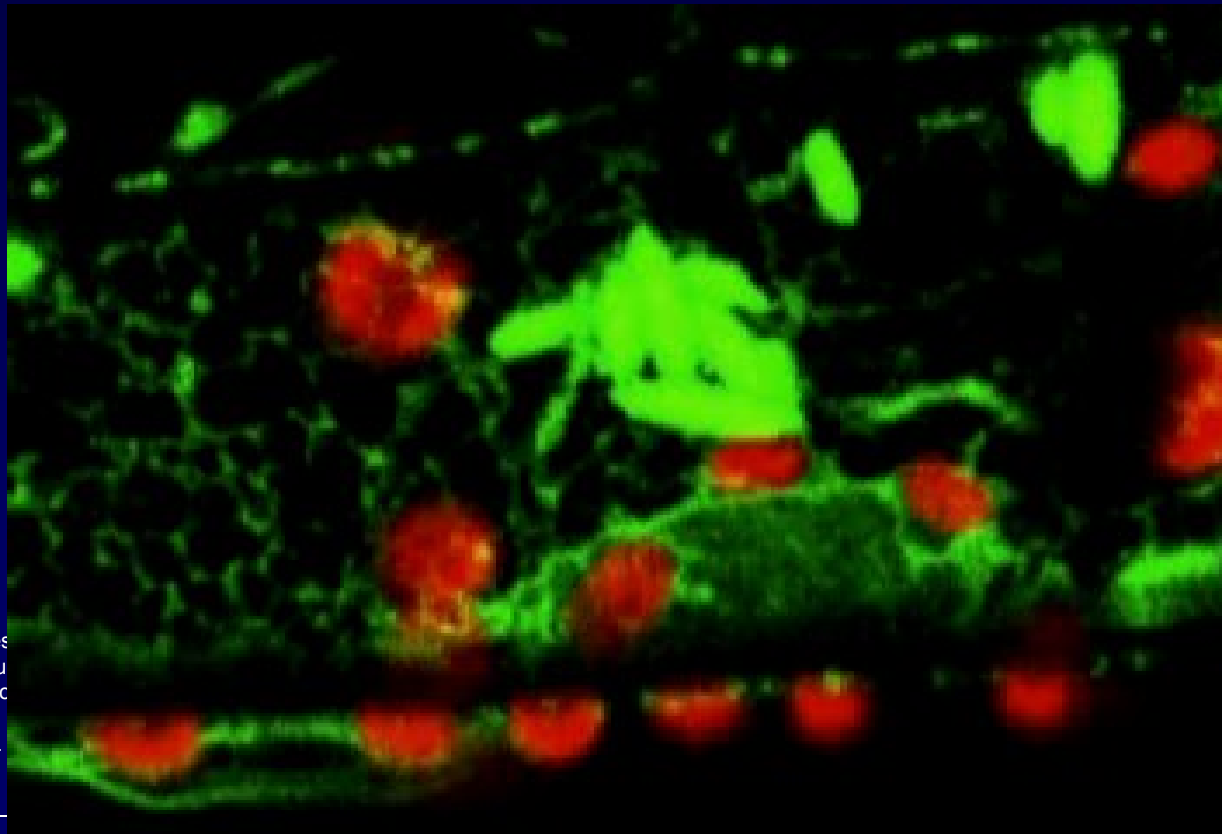
- regulace transkripce
- Sestřih RNA
- translační represe
- posttranskripční umlčování mechanismem siRNA
- směřování proteinů



Od genu k proteinu a zpět směrování (cílování) proteinů

▪ Intracelulární lokalizace proteinů

- Pro funkci proteinů v buňkách je zásadní jejich správná lokalizace prostřednictvím tzv. signálních sekvencí
- v rostlinných buňkách dochází k velice dynamickým procesům, zprostředkovaným zejména tzv. endomembránovým transportem (viz film, GFP směrované do ER)



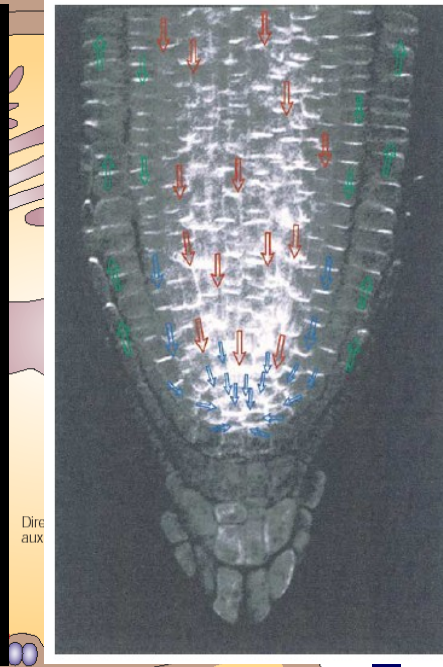
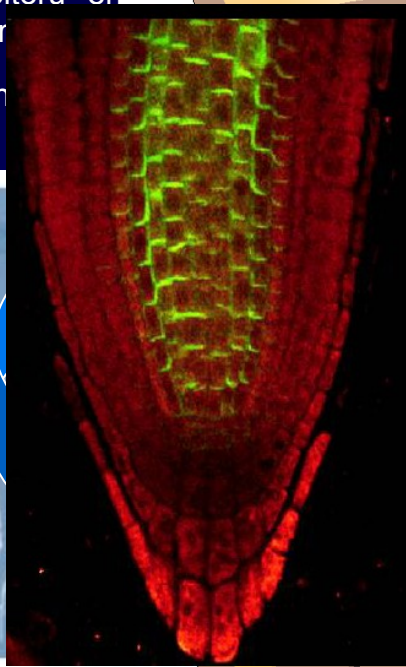
CV, central vacuole; DV, dense vesicle;
GA, Golgi apparatus; LV, lytic vacuole;
accumulating compartment; PB, prothylakoid;
reticulum; PSV, protein-storage
compartment; SV, secretory vesicle.



Od genu k proteinu a zpět směřování (cílování) proteinů

▪ Cyklování auxinových přenašečů u *Arabidopsis*

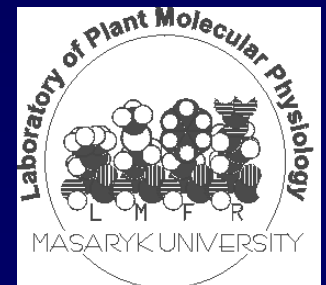
- auxin je rostlinný hormon se silným morfogenním účinkem
- proteiny podílející se na transportu proteinů jsou tzv. PIN proteiny, polárně lokalizované v buněčkách kořene u *Arabidopsis*
- PIN proteiny cyklují v endomembránovém systému rostlinné buňky
- v přítomnosti inhibitorů endocytózy těchto proteinů v intracelulárním prostoru
- ...čímž je zároveň narušena polarita



Od genu k proteinu a zpět

Mechanismy uplatňující se při vyjadřování genetické informace

- regulace transkripce
- sestřih RNA
- translační represe
- posttranskripční umlčování mechanismem siRNA
- směřování proteinů
- posttranslační modifikace proteinů

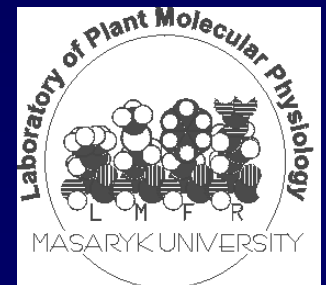


Od genu k proteinu a zpět

postranlační modifikace proteinů

Význam posttranslačních modifikací proteinů

- regulace enzymové aktivity
- regulace interakcí proteinu s dalšími proteiny nebo jinými biomolekulami
- lokalizace proteinu v buňce
- změna mechanických vlastností proteinu
- přenos signálu

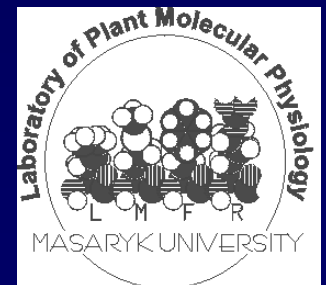


Od genu k proteinu a zpět

postranlační modifikace proteinů

Typy posttranslačních modifikací proteinů

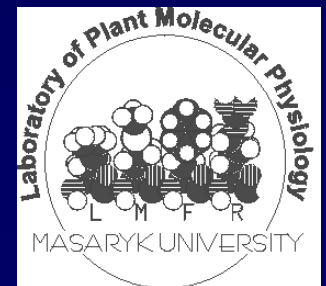
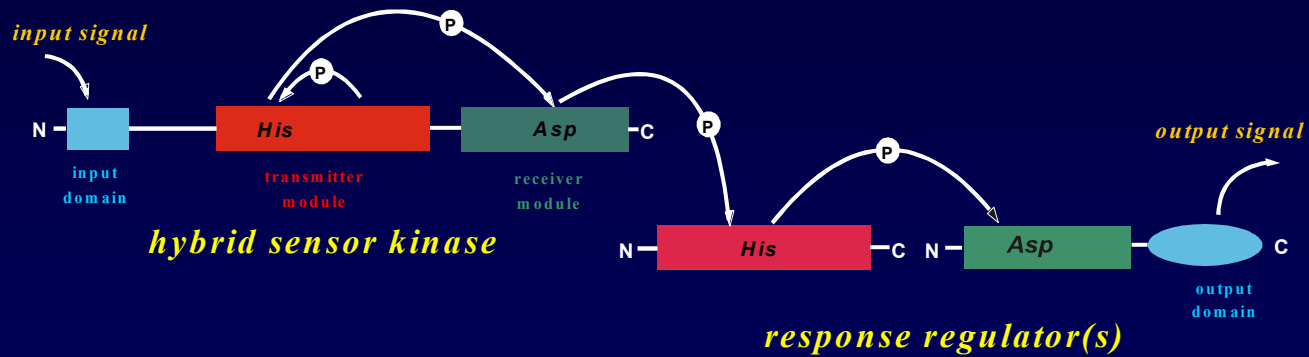
- přidání glykosylfosfatidylinositolové (GPI) kotvy
- fosforylace
- sulfonace
- glykosylace
- N-myristolyace
- N-metylace
- hydroxylace
- karboxylace
- prenylace
-



Od genu k proteinu a zpět postranlační modifikace proteinů

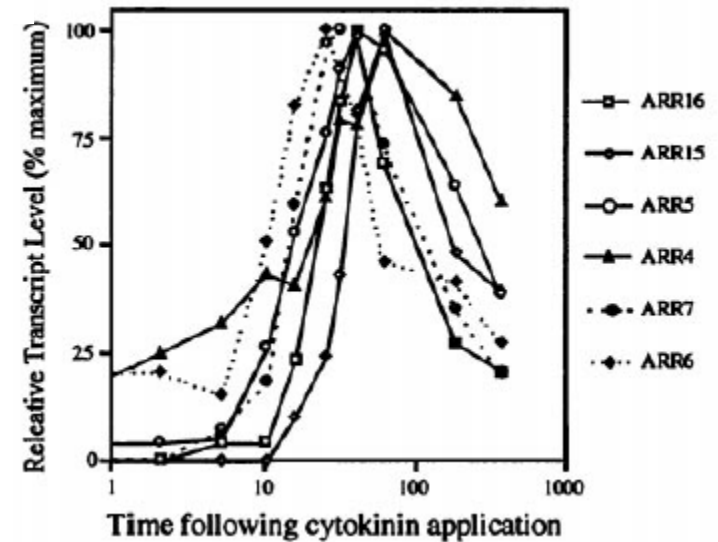
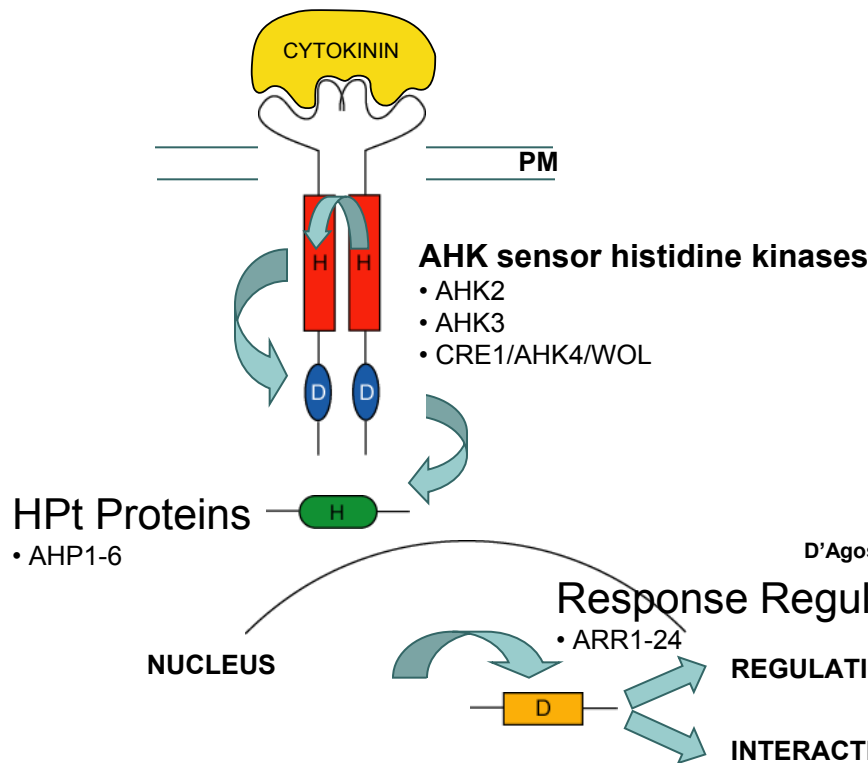
Přenos signálu a regulace genové exprese prostřednictvím fosforylace

- přenos cytokininového signálu u rostlin



Signal Transduction via TCS

Recent Model of the CK Signaling via TCS Pathway



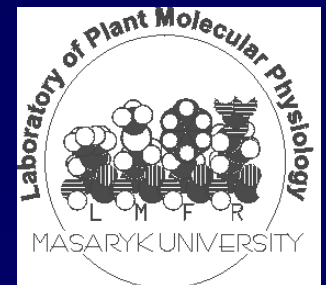
D'Agostino et al., Plant Physiol, 2000

CK primary response genes
- Type-A ARR expression

Od genu k proteinu a zpět postranlační modifikace proteinů

Přenos signálu a regulace genové exprese prostřednictvím fosforylace

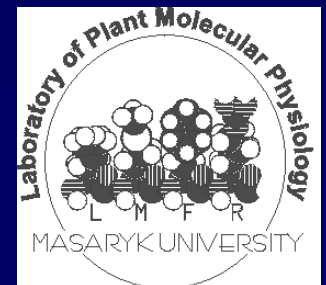
- přenos signálu prostřednictvím TGF β (Transforming Growth Factor) u živočichů



Základy proteomiky 2011

Proč právě proteomika?

- Postgenomová éra a co s informacemi, které neumíme číst
- Genotyp vs. fenotyp, aneb co všechno se děje při vyjadřování
- Od genu k proteinu a zpět
- Přístupy současné proteomiky
 - exprese, purifikace a analýza rekombinantních proteinů

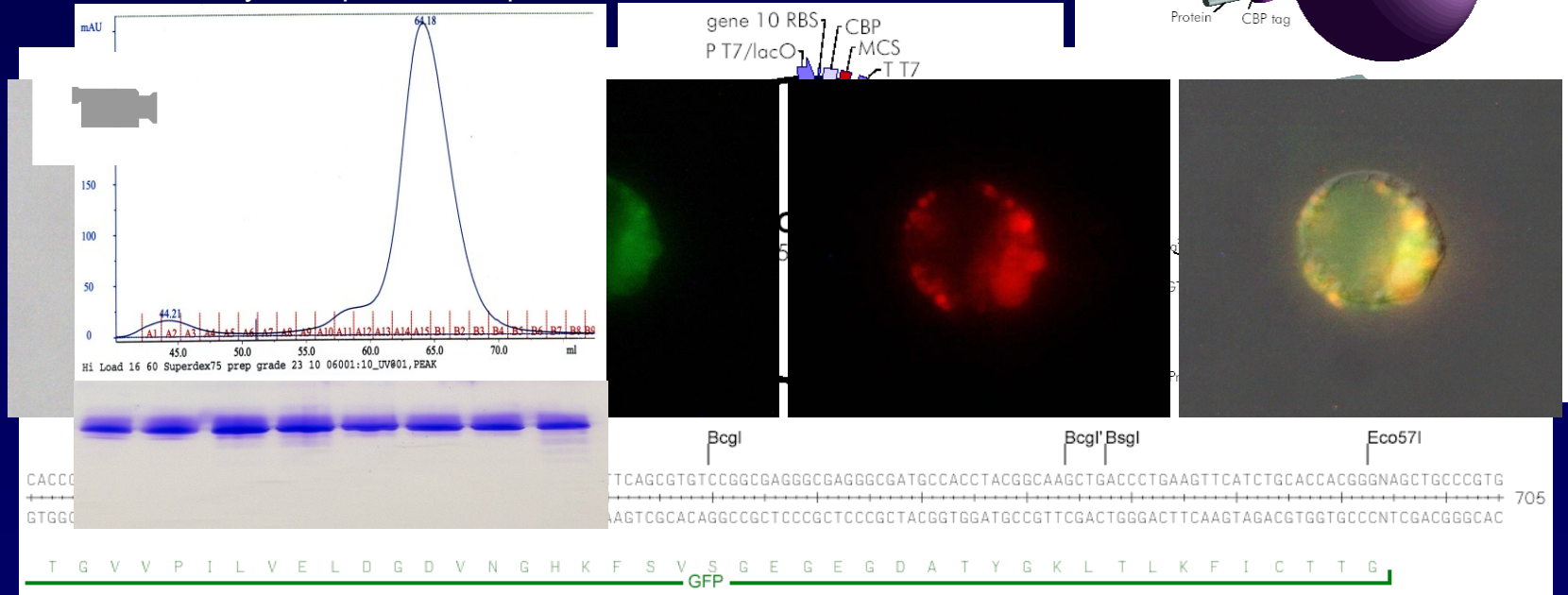
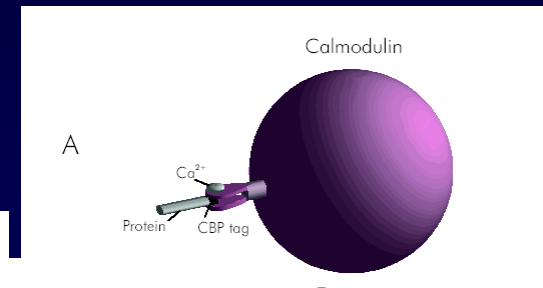


Přístupy současné proteomiky

exprese, purifikace a analýza rekombinantních proteinů

Technologie rekombinantních proteinů

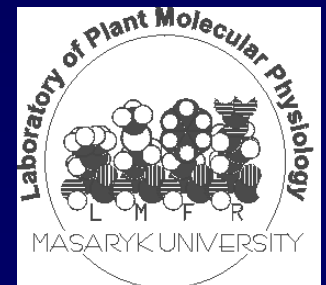
- umožňuje získat velké množství analyzovaného proteinu ve velké čistotě
- využívá technologie rekombinantní DNA
- principem je vložení „přívěsku“ prostřednictvím přípravy rekombinantní DNA, který usnadní purifikaci (afinitní purifikace)
- možnost využití „přívěsku“ i pro lokalizaci a další



Základy proteomiky 2011

Proč právě proteomika?

- Postgenomová éra a co s informacemi, které neumíme číst
- Genotyp vs. fenotyp, aneb co všechno se děje při vyjadřování
- Od genu k proteinu a zpět
- Přístupy současné proteomiky
 - exprese, purifikace a analýza rekombinantních proteinů
 - analýza vztahu mezi strukturou a funkcí proteinů

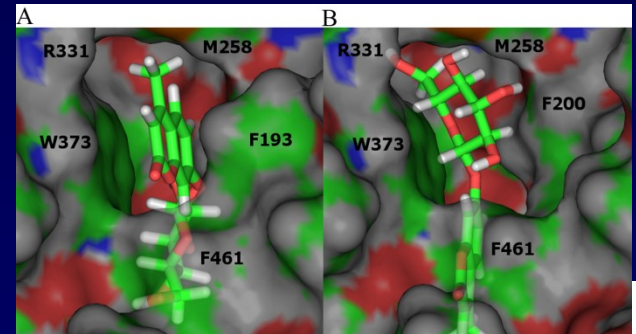
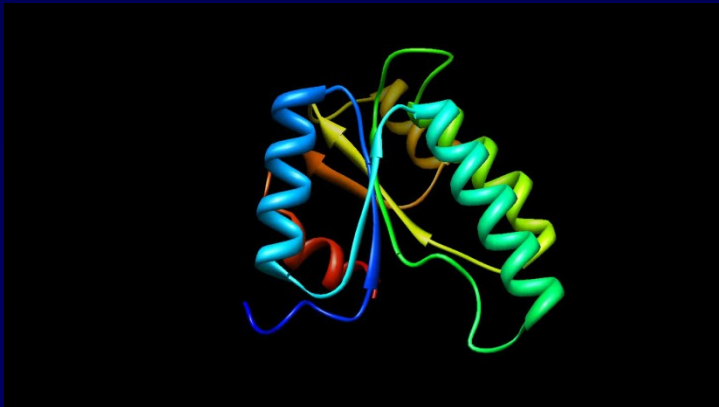
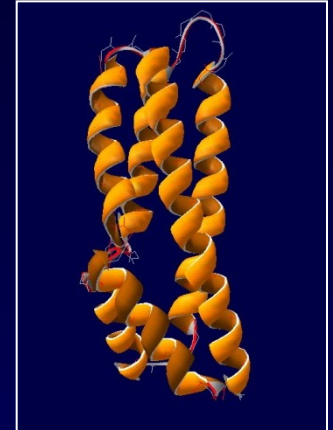


Přístupy současné proteomiky

analýza vztahu mezi strukturou a funkcí proteinů

Analýza vztahu mezi funkcí a strukturou proteinu

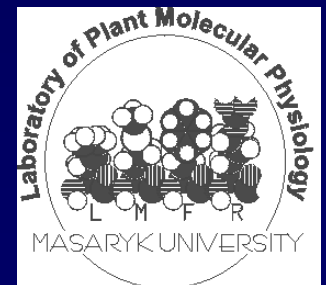
- využívá technologie produkce rekombinantních proteinů a místně řízené mutagenese
- umožňuje analyzovat strukturu rekombinantního proteinu pomocí rentgenové krystalografie nebo NMR
- komparativní analýzou lze pak analyzovat strukturu a funkci jak u standardního typu tak i mutantního proteinu



Základy proteomiky 2011

Proč právě proteomika?

- Postgenomová éra a co s informacemi, které neumíme číst
- Genotyp vs. fenotyp, aneb co všechno se děje při vyjadřování
- Od genu k proteinu a zpět
- Přístupy současné proteomiky
 - exprese, purifikace a analýza rekombinantních proteinů
 - analýza vztahu mezi strukturou a funkcí proteinů
 - diferenční proteomika



Přístupy současné proteomiky

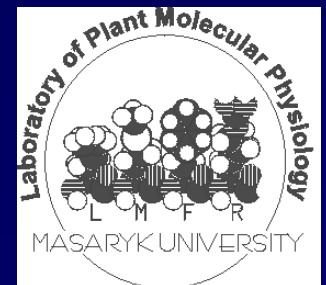
komparativní proteomika

Analýza změn proteomu organismu na různé stimuly

- využívá technologií vícerozměrné separace proteinů (nejčastěji ELFO nebo LC)
- umožňuje analyzovat mnoho proteinů najednou
- pomocí analýzy obrazu lze odhadnout proteiny se změnou vlastností, příp. kvantitý za daných sledovaných podmínek (mutace, vývojové stadium, fyziologická odpověď)

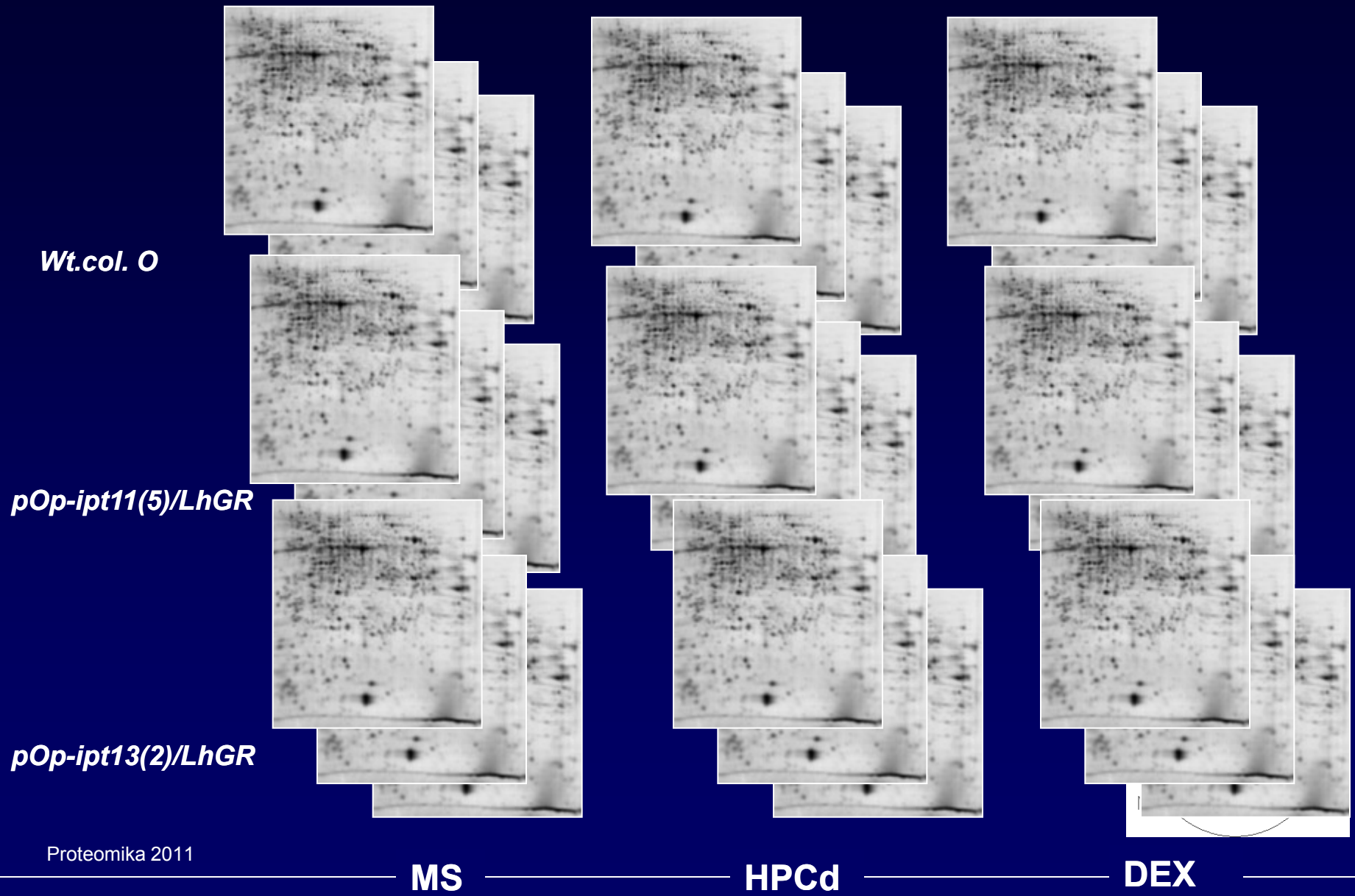


Zvýšená hladina endogenních CK



Přístupy současné proteomiky

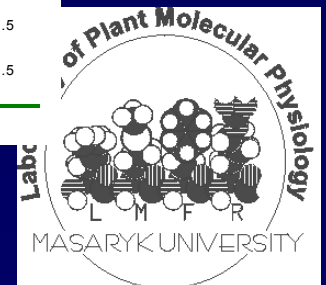
komparativní proteomika



Přístupy současné proteomiky

komparativní proteomika

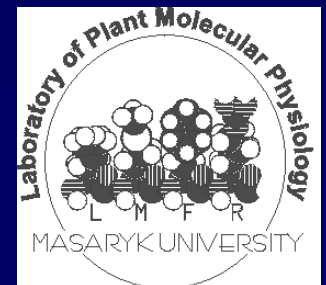
Spot	% Vol	Relative Abundance	Accession No.	Protein Name	MALDI-MS		LC-MSMS		MM [kDa]	pI
					Score	%Cov	Score	%Cov		
1105		3.55	S47970	14-3-3 protein homolog RC12	-	-	123	20	28.1	5.0
2203		< 0.01	BAB01146	AP000373 NID (jasmonate inducible, myosinase-like)	97	725	-	-	48.5	5.0
2310		< 0.01	BAA84393	AP000423 NID (RuBisCO large subunit)	116	26	-	-	52.9	5.9
2402		3.40	Q8LBJ7	50S ribosomal protein L12-C	-	-	130	16	19.7	6.0
2801		2.50	AAG51430	AC008153 NID (2-cys peroxiredoxin BAS1, chloroplast [Precursor])	87	29	92	11	29.1	6.9
4503		> 100	Q9SUI9	ATP synthase gamma chain, chloroplast	131	29	393	32	33.3	5.1
5204		< 0.01	E71425	Hypothetical protein (putative epoxide hydrolase)	-	-	40	5	33.4	6.2
7009		< 0.01	T05413	cinnamyl-alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.195) F28A23.10	-	-	86	7	38.7	5.4
7401		< 0.01	Q9LJE4	GloEL protein, chaperonin, 60 kDa	-	-	217	10	63.3	5.6
7606		> 100	F86262	F13K23.15 protein (glyceraldehyde-3-phosphate dh)	81	23	388	33	42.8	8.2
7701		0.37	AAM20572	AY099721 NID (Cysteine synthase, mitochondrial [Precursor])	128	26	236	28	45.8	8.4
8202		> 100	AAL36245	AY063889 NID (50S ribosomal protein L4, chloroplast [Precursor])	-	-	59	4	30.5	8.9
8302		2.69	H84808	probable annexin	-	-	90	9	36.2	6.9
8605		> 100	Q941D3	At5g19940/F28116_90 (Hypothetical protein)	-	-	142	10	26.5	9.5
8803		0.42	T47470	isovaleryl-CoA dehydrogenase	63	11	213	18	44.7	7.5



Základy proteomiky 2011

Proč právě proteomika?

- Postgenomová éra a co s informacemi, které neumíme číst
- Genotyp vs. fenotyp, aneb co všechno se děje při vyjadřování
- Od genu k proteinu a zpět
- Přístupy současné proteomiky
 - exprese, purifikace a analýza rekombinantních proteinů
 - analýza vztahu mezi strukturou a funkcí proteinů
 - diferenční proteomika
 - analýza posttranslačních modifikací



Přístupy současné proteomiky

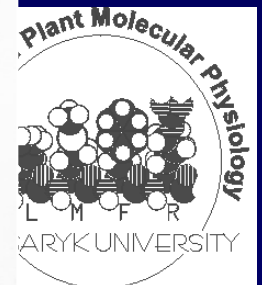
analýza posttranslačních modifikací

Analýza posttranslačních modifikací

- pomocí specifických metod lze identifikovat kotranslační a posttranslační modifikace, buď v gelu nebo po blotování na membránu (barvení spec. barvičkami)
- identifikace modifikací pomocí MS technik (MALDI TOF, ESI-MS, ...)
- fosforylace
 - přenos signálu
- acetylace
 - regulace chromatinových struktur a transkripční aktivity prostřednictvím regulace vazby histonů
- glykosylace
 - velice heterogenní (aktivátor plasminogenu 3 místa pro glykosylaci na N-konci, až 11. 520 SYPROZRYT vizoforem)



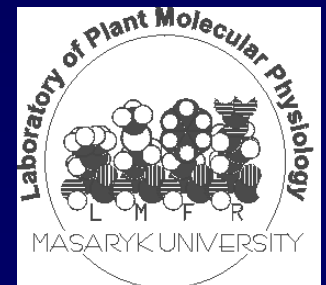
- mikroheterogenita díky velkému množství různých cukerných zbytků, které se mohou vázat na jeden ak.
- makroheterogenita díky rozdílu v přítomnosti různých cukrů na různých ak. na různém počtu kopíí daného proteinu



Základy proteomiky 2011 shrnutí

Proč právě proteomika?

- Postgenomová éra a co s informacemi, které neumíme číst
- Genotyp vs. fenotyp, aneb co všechno se děje při vyjadřování
- Od genu k proteinu a zpět
- Přístupy současné proteomiky
 - exprese, purifikace a analýza rekombinantních proteinů
 - analýza vztahu mezi strukturou a funkcí proteinů
 - diferenční proteomika
 - analýza posttranslačních modifikací



Základy proteomiky 2011

zdrojová literatura

▪ Zdrojová literatura k první přednášce:

Monografie a učebnice

- Plant Functional Genomics, ed. Erich Grotewold, 2003, Humana Press, Totowa, New Jersey
- Proteome Research: New Frontiers in Functional Genomics, ed. Wilkins, M.R., Williams, K.L., Appel, R.D., Hochstrasser, D.F., 1997, Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg
- Dubová J., Hejátko J., Friml J. (2005) Reproduction of Plants, in Encyclopedia of Molecular Cell Biology and Molecular Medicine (ed. R. A. Meyers), pp. 249 – 295. Wiley-VCH, Weinheim, Germany

Publikace v mezinárodních časopisech

- Wang, L. and Wessler, S.R. (1998) Inefficient reinitiation is responsible for upstream open reading frame-mediated translational repression of the maize R gene. *Plant Cell*, **10**, (1733)
- Friml, J. and Palme, K. (2002) Polar auxin transport. Old questions and new concepts?. *Plant Mol. Biol.*, **49**, 273-284
- Mello, C.C. and Conte Jr., D. (2004) Revealing the world of RNA interference. *Nature*, 431, 338-342
- Surpin, M. and Raikhel, N. (2004) Traffic jams affect plant development and signal transduction. *Nature Reviews/Molecular Cell Biology* 5,100-109

