

CG020 Genomika

Přednáška 6

Genová exprese

Jan Hejátko

Funkční genomika a proteomika rostlin,
Středoevropský technologický institut (CEITEC)

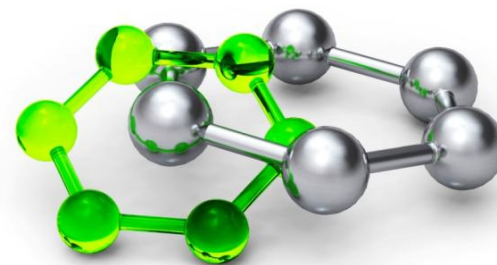
a

Národní centrum pro výzkum biomolekul,
Přírodovědecká fakulta,

Masarykova univerzita, Brno

hejatk@sci.muni.cz, www.ceitec.eu

M U N I
S C I



Genomika 06

▪ Zdrojová literatura

- Brady, S. M. et al. A high-resolution root spatiotemporal map reveals dominant expression patterns. *Science*. **318** (5851), 801-806 (2007).
- Karaiskos N, Wahle P, Alles J, Boltengagen A, Ayoub S, Kipar C, Kocks C, Rajewsky N, Zinzen RP (2017) The *Drosophila* embryo at single-cell transcriptome resolution. *Science* **358**: 194-199
- Lecuyer, E., Yoshida, H., Parthasarathy, N., Alm, C., Babak, T., Cerovina, T., Hughes, T.R., Tomancak, P., and Krause, H.M. (2007). Global analysis of mRNA localization reveals a prominent role in organizing cellular architecture and function. *Cell* **131**, 174-187.
- Nevo-Dinur, K., Nussbaum-Shochat, A., Ben-Yehuda, S., and Amster-Choder, O. (2011). Translation-independent localization of mRNA in *E. coli*. *Science* **331**, 1081-1084
- Schonberger, J., Hammes, U.Z., and Dresselhaus, T. (2012). In vivo visualization of RNA in plants cells using the lambdaN(22) system and a GATEWAY-compatible vector series for candidate RNAs. *The Plant Journal* **71**, 173-181.
- Stahl, P. L. et al. Visualization and analysis of gene expression in tissue sections by spatial transcriptomics. *Science*. **353** (6294), 78-82 (2016).
- Xia, K. et al. The single-cell stereo-seq reveals region-specific cell subtypes and transcriptome profiling in arabidopsis leaves. *Dev Cell*. **57** (10), 1299-1310 e1294 (2022)

Osnova

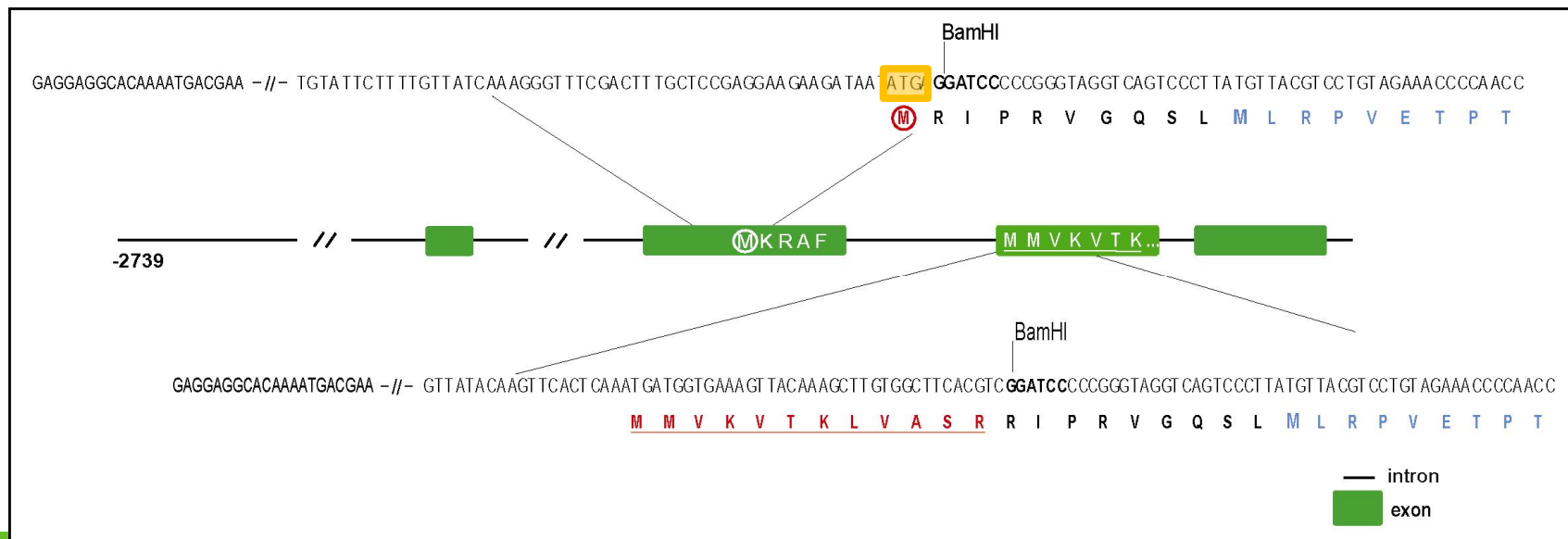
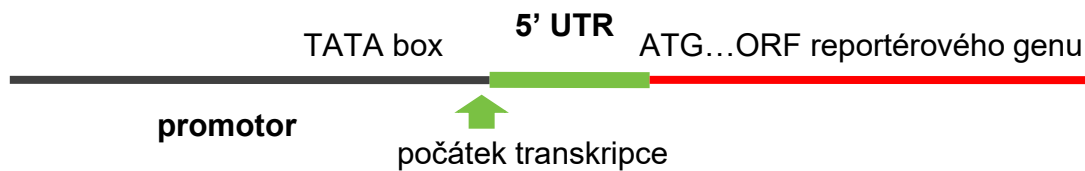
- Metody analýzy **genové exprese**
 - **Kvalitativní analýza exprese genů**
 - Příprava **transkripční fúze** promotoru analyzovaného genu s reporterovým genem (gen zpravodaj)
 - Příprava **translační fúze** kódující oblasti analyzovaného genu s reporterovým genem
 - Využití dostupných dat ve **veřejných databázích**
 - **Tkáňově a buněčně specifická** analýza genové exprese
 - **Prostorová transkriptomika**
 - **Kvantitativní analýza exprese**
 - **DNA a proteinové čipy**
 - **Next gen** transkripční profilování
- **Regulace genové exprese** v identifikaci funkce genů
přístupy **získané funkce**
 - T-DNA **aktivační mutageneze**
 - **Ektopická exprese** a systémy **regulovatelné genové exprese**

Osnova

- Metody analýzy **genové exprese**
 - **Kvalitativní** analýza exprese genů
 - Příprava **transkripční fúze** promotoru analyzovaného genu s reporterovým genem (gen zpravodaj)

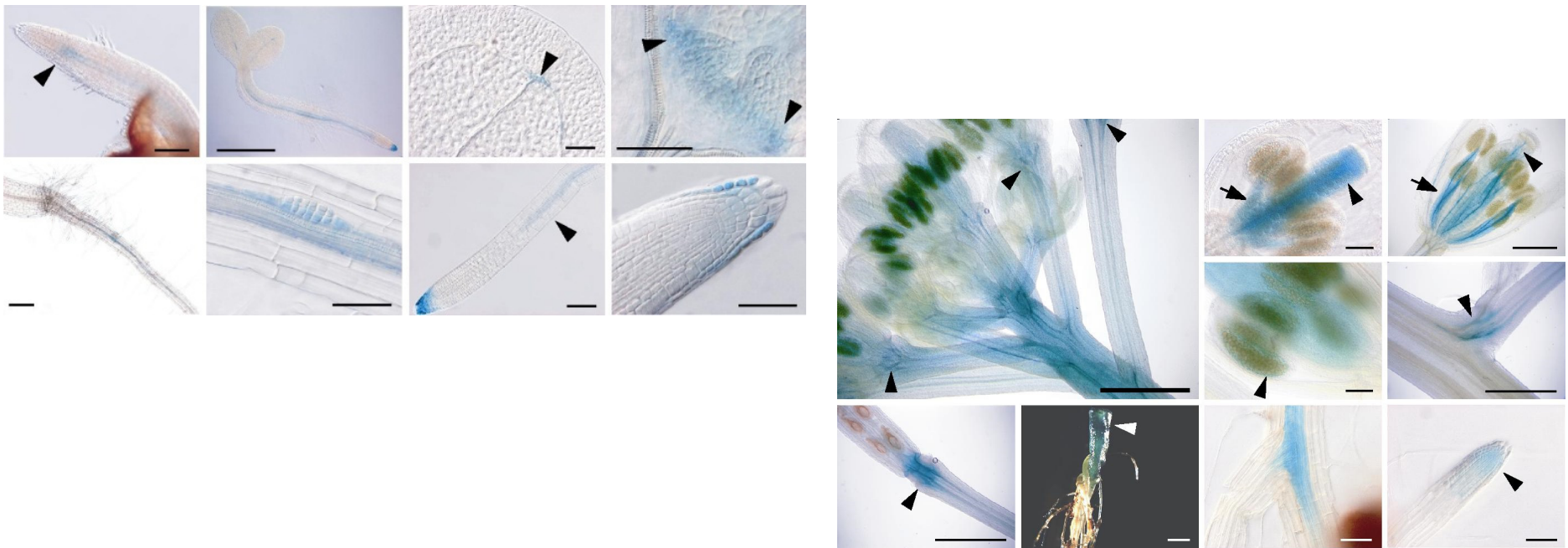
Transkripční fúze

- **Transkripční fúze s promotorovou oblastí**
 - Identifikace a klonování promotorové oblasti genu
 - příprava rekombinantní DNA nesoucí promotor a reportérový gen (uidA, GFP)

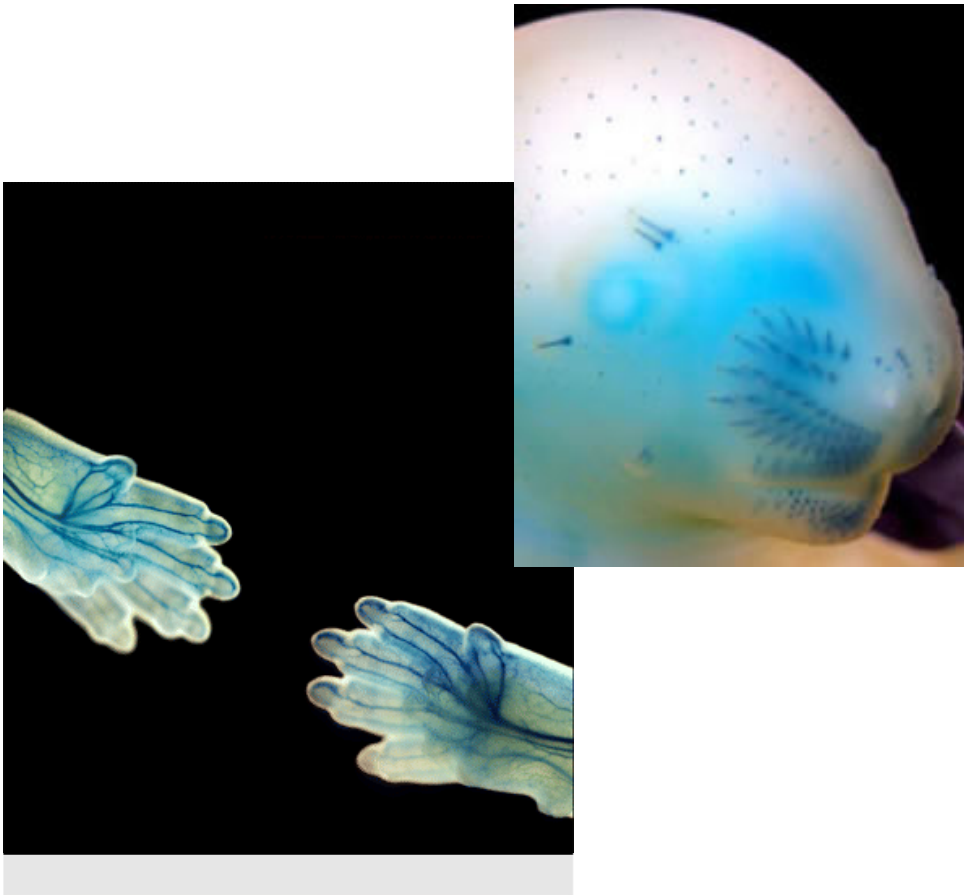


Transkripční fúze

- **Transkripční fúze s promotorovou oblastí**
 - Identifikace a klonování promotorové oblasti genu
 - příprava rekombinantní DNA nesoucí promotor a reportérový gen (uidA, GFP)
 - příprava transgenních organismů nesoucích tuto rekombinantní DNA a jejich histologická analýza



GUS reporter in mouse embryos

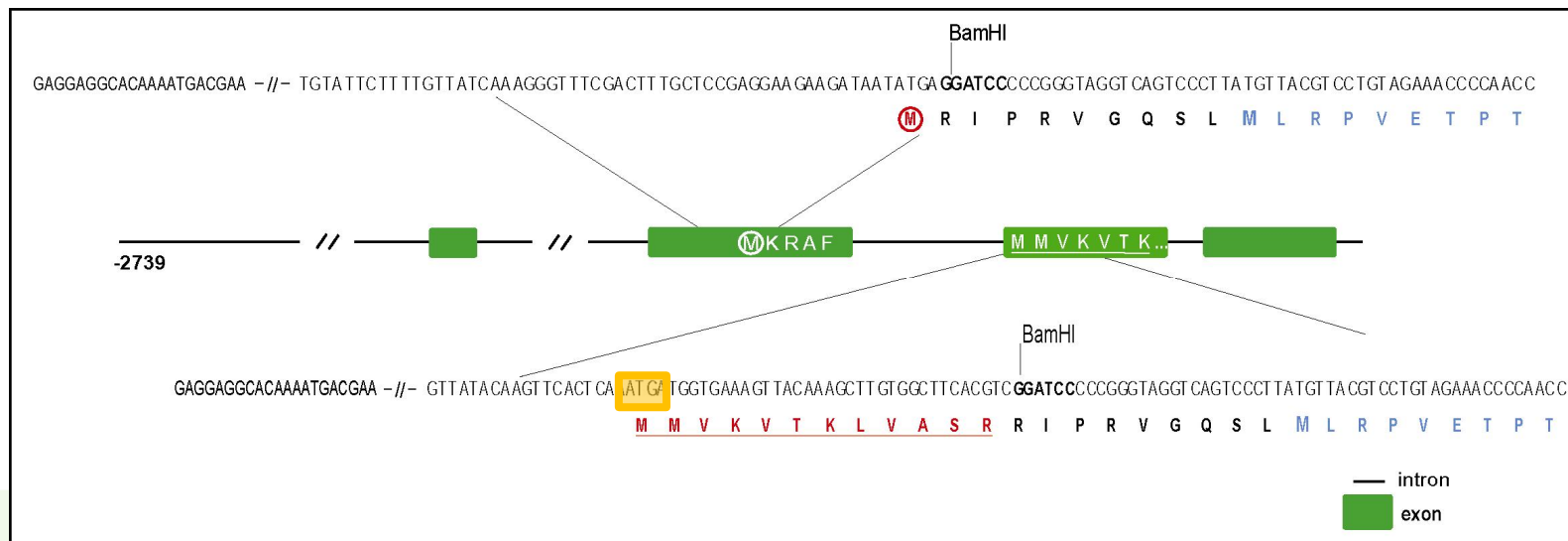
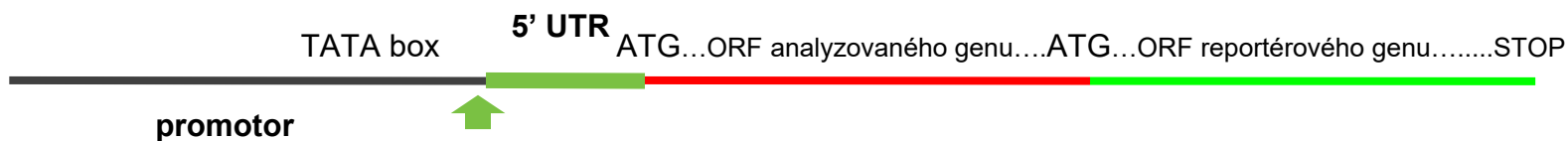


Osnova

- Metody analýzy genové exprese
 - Kvalitativní analýza exprese genů
 - Příprava transkripční fúze promotoru analyzovaného genu s reporterovým genem (gen zpravodaj)
 - Příprava translační fúze kódující oblasti analyzovaného genu s reporterovým genem

Translační fúze

- **Translační fúze kódující oblasti analyzovaného genu s reportérovým genem**
 - Identifikace a klonování **promotorové** a **kódující** oblasti analyzovaného genu
 - příprava **rekombinantní DNA** nesoucí **promotor** a **kódující** sekvenci studovaného genu ve fúzi s **reportérovým genem** (uidA, GFP)

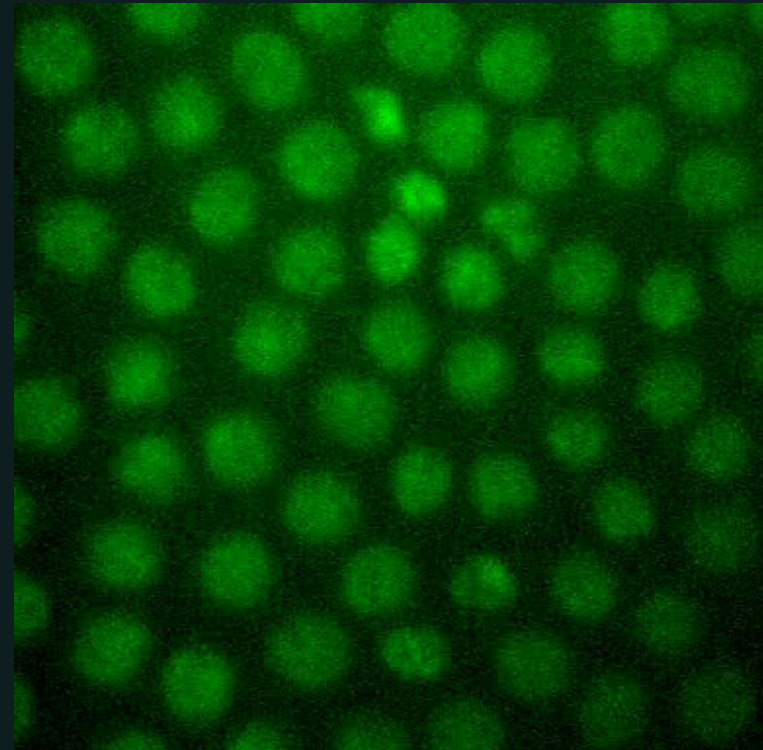


Translační fúze

- **Translační fúze kódující oblasti analyzovaného genu s repotérovým genem**
 - příprava transgenních organismů nesoucích tuto rekombinantní DNA a jejich histologická analýza
 - oproti transkripční fúzi umožňuje analyzovat např. intracelulární lokalizaci genového produktu (proteinu) nebo jeho dynamiku



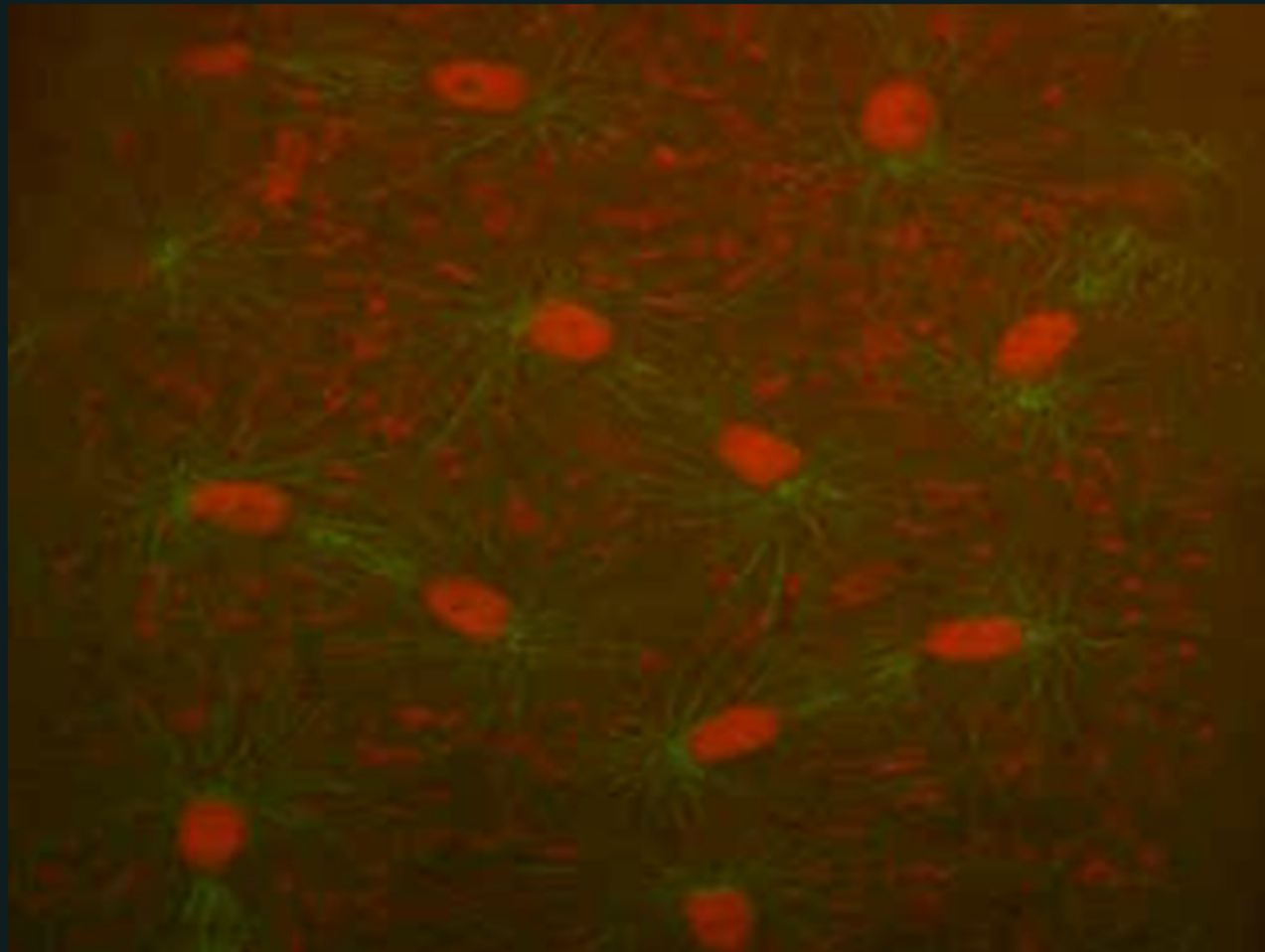
PIN1-GFP in *Arabidopsis*



Histone 2A-GFP in *Drosophila* embryo by PAM

Translační fúze

- Translační fúze kódující oblasti analyzovaného genu s repotérovým genem

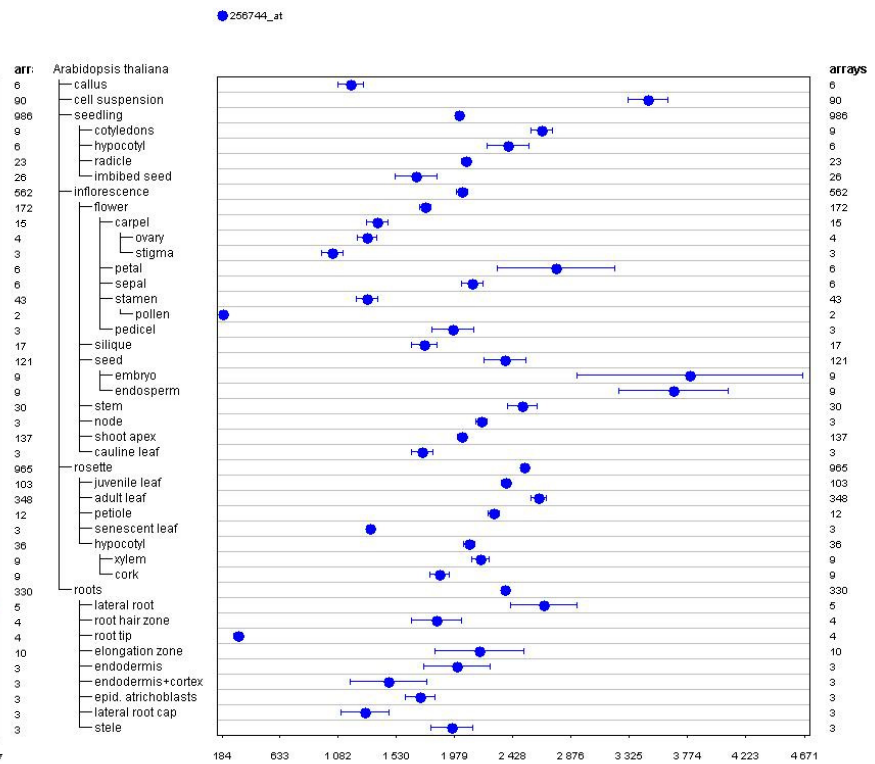
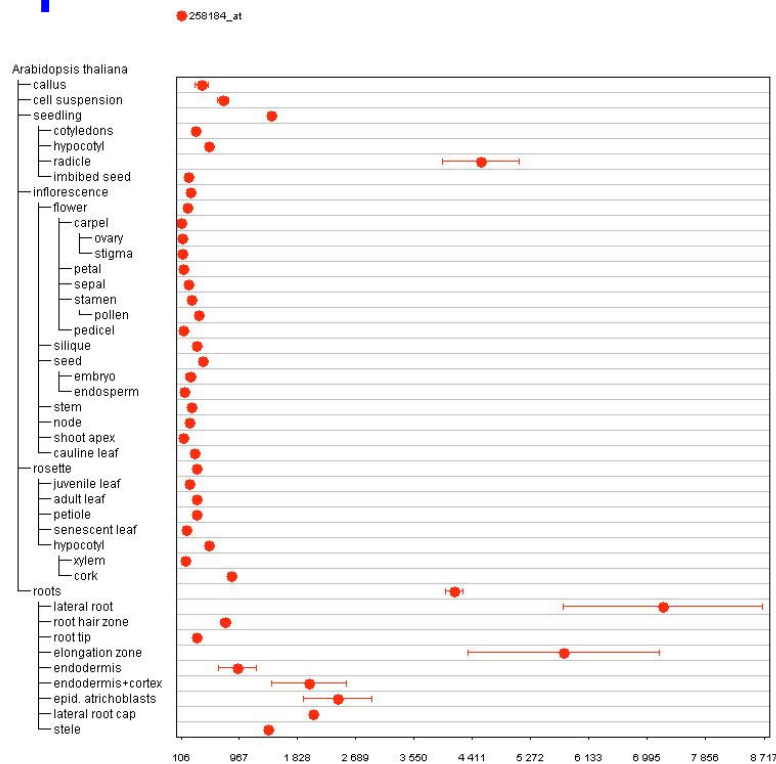


Osnova

- Metody analýzy genové exprese
 - Kvalitativní analýza exprese genů
 - Příprava transkripční fúze promotoru analyzovaného genu s reporterovým genem (gen zpravodaj)
 - Příprava translační fúze kódující oblasti analyzovaného genu s reporterovým genem
 - Využití dostupných dat ve veřejných databázích

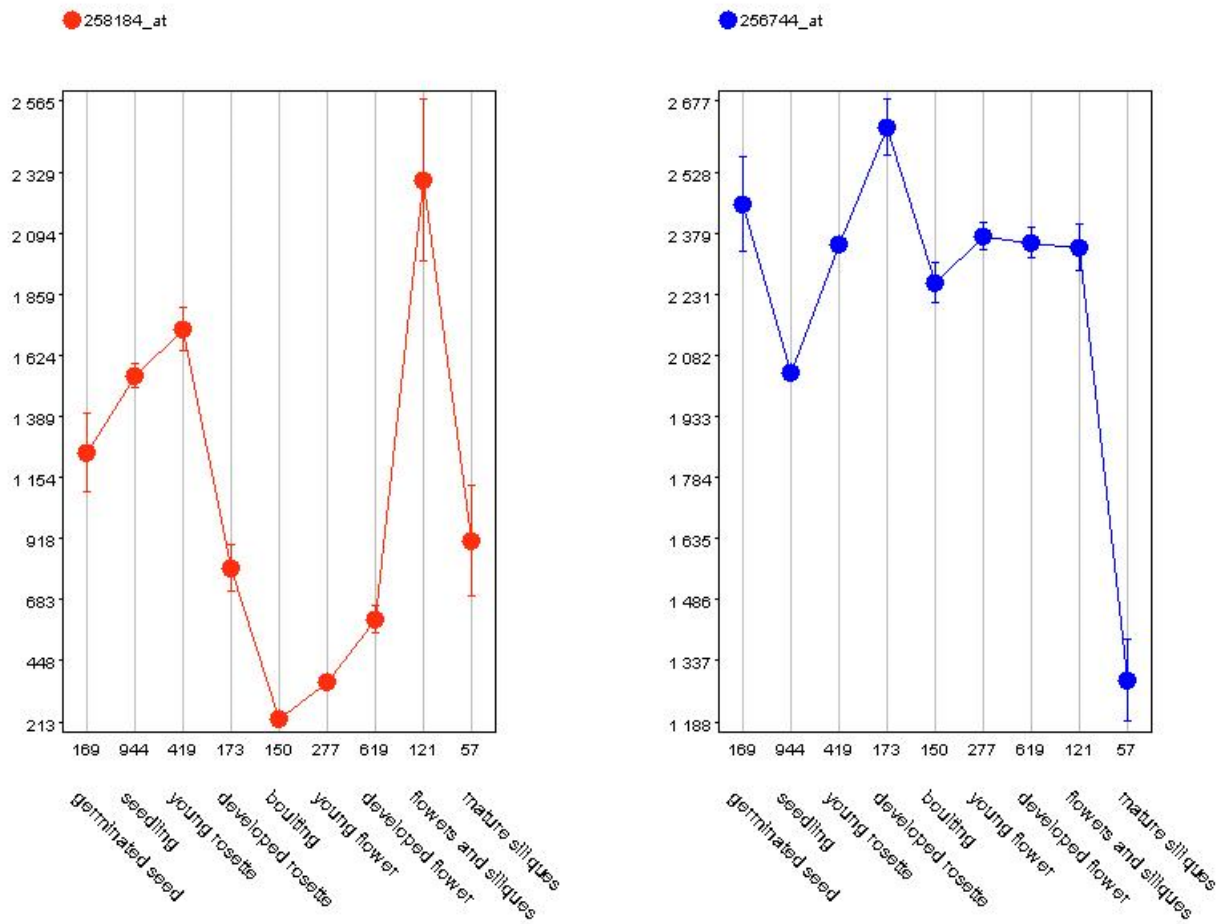
Databáze

- Analýza exprese pomocí Genevestigator (**AHP1** a **AHP2**, *Arabidopsis*, Affymetrix ATH 22K Array)



Databáze

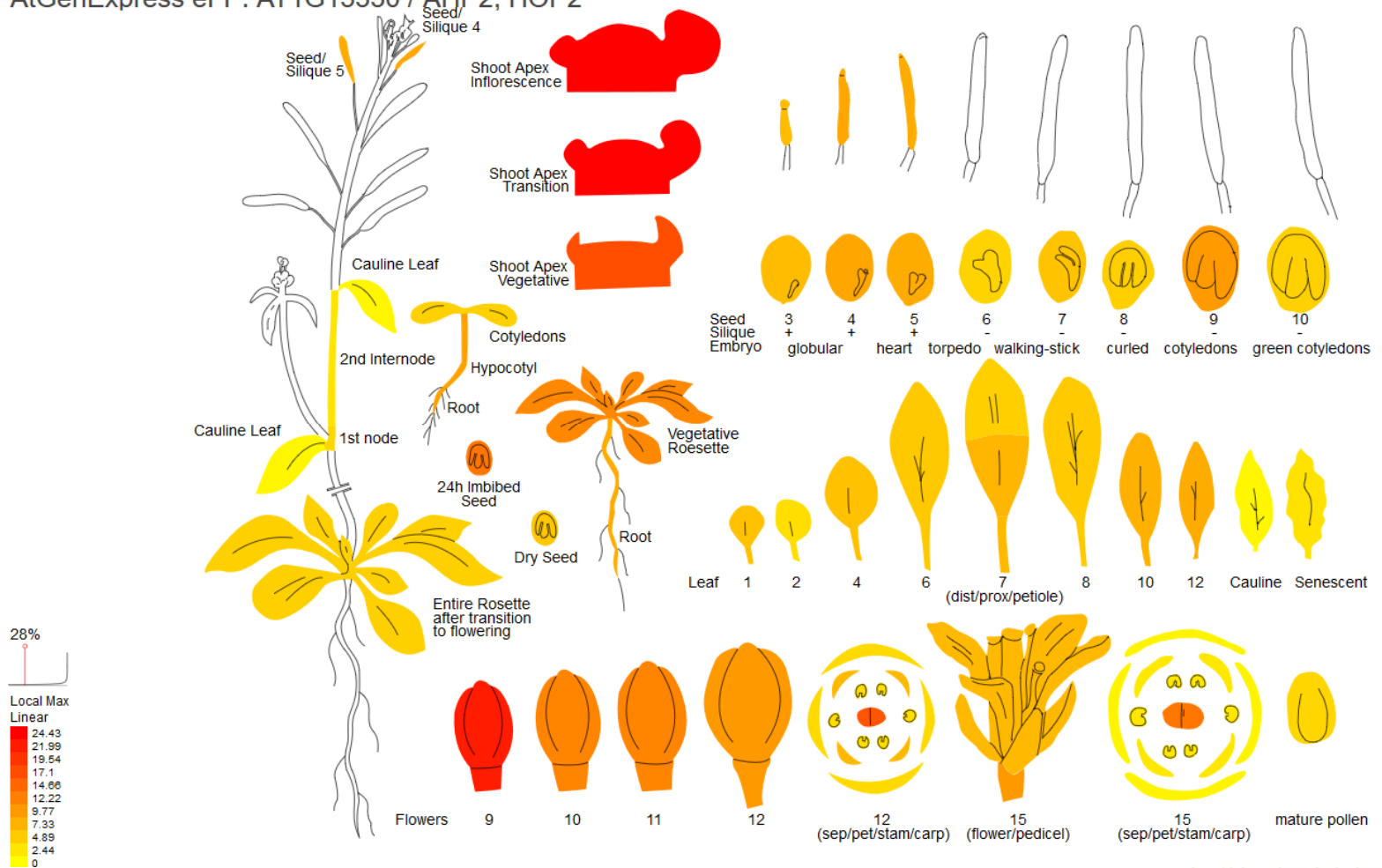
- Analýza exprese pomocí Genevestigator (**AHP1** a **AHP2**, *Arabidopsis*, Affymetrix ATH 22K Array)



Databáze

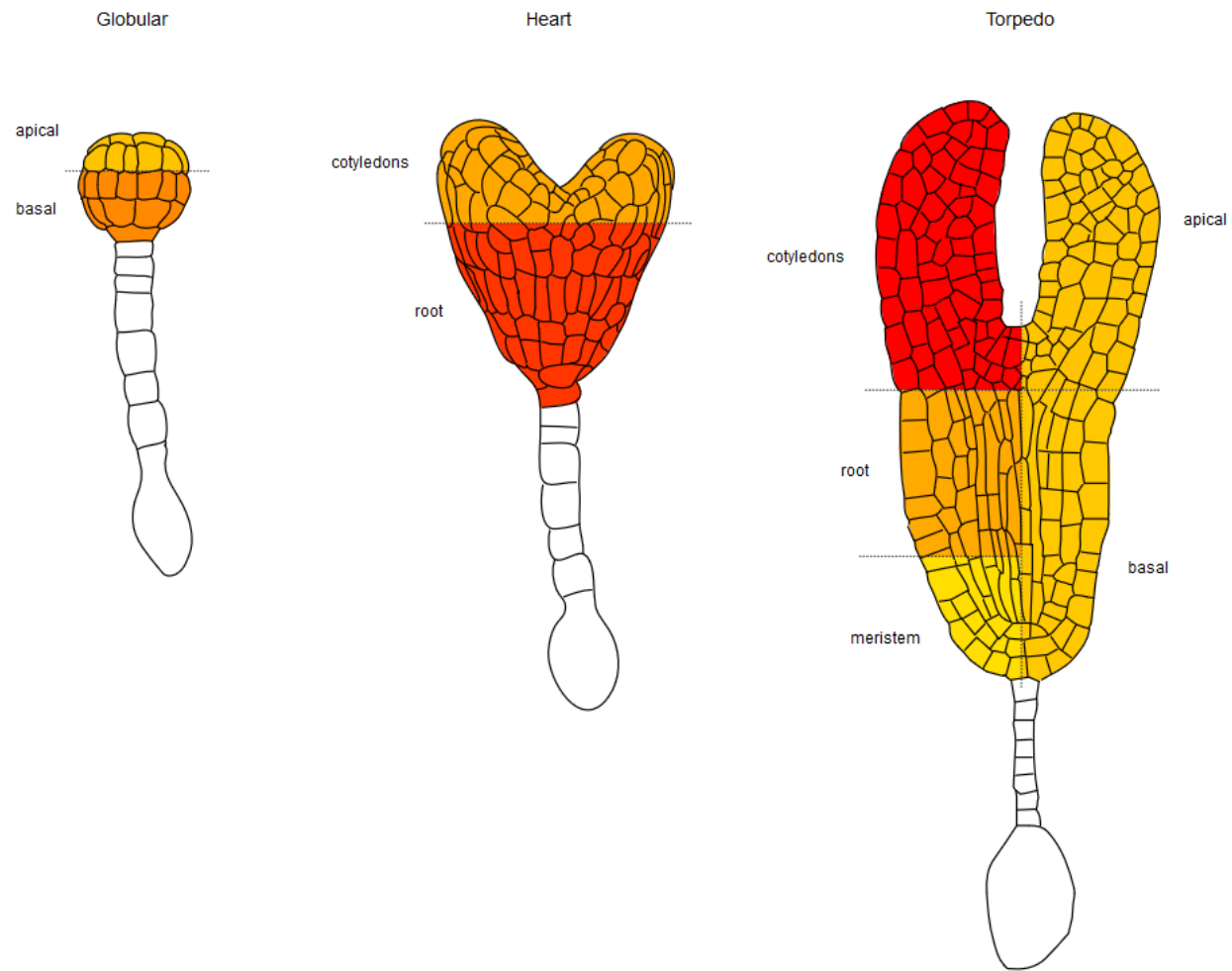
□ Analýza exprese pomocí ePlant

AtGenExpress eFP: AT1G13330 / AHP2, HOP2



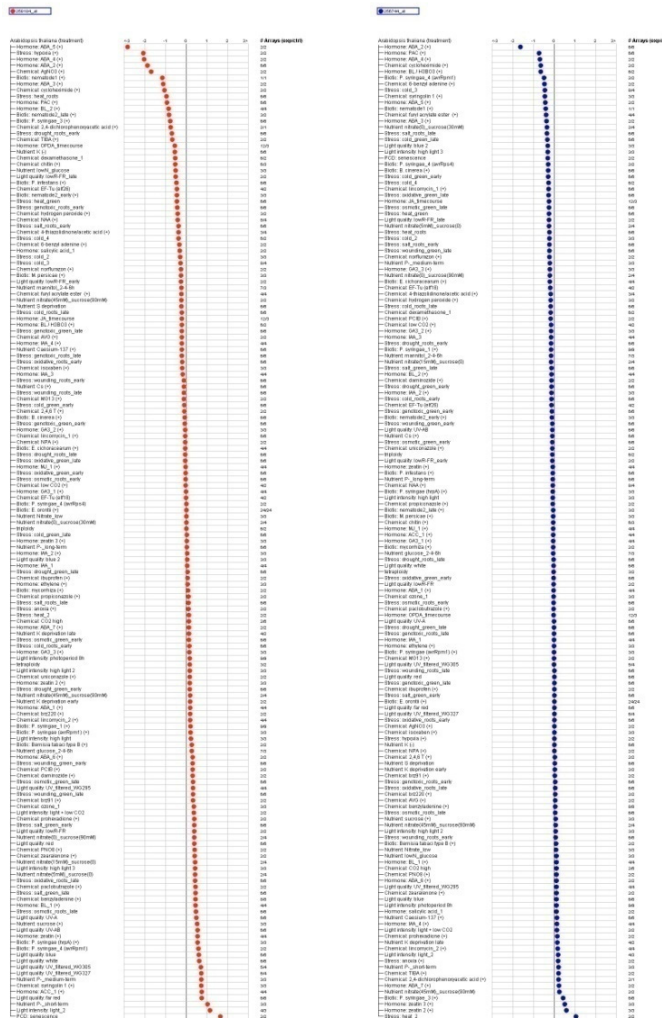
Databáze

□ Analýza exprese pomocí ePlant



Databáze

- Analýza exprese pomocí Genevestigator (**AHP1** a **AHP2**, *Arabidopsis*, Affymetrix ATH 22K Array)

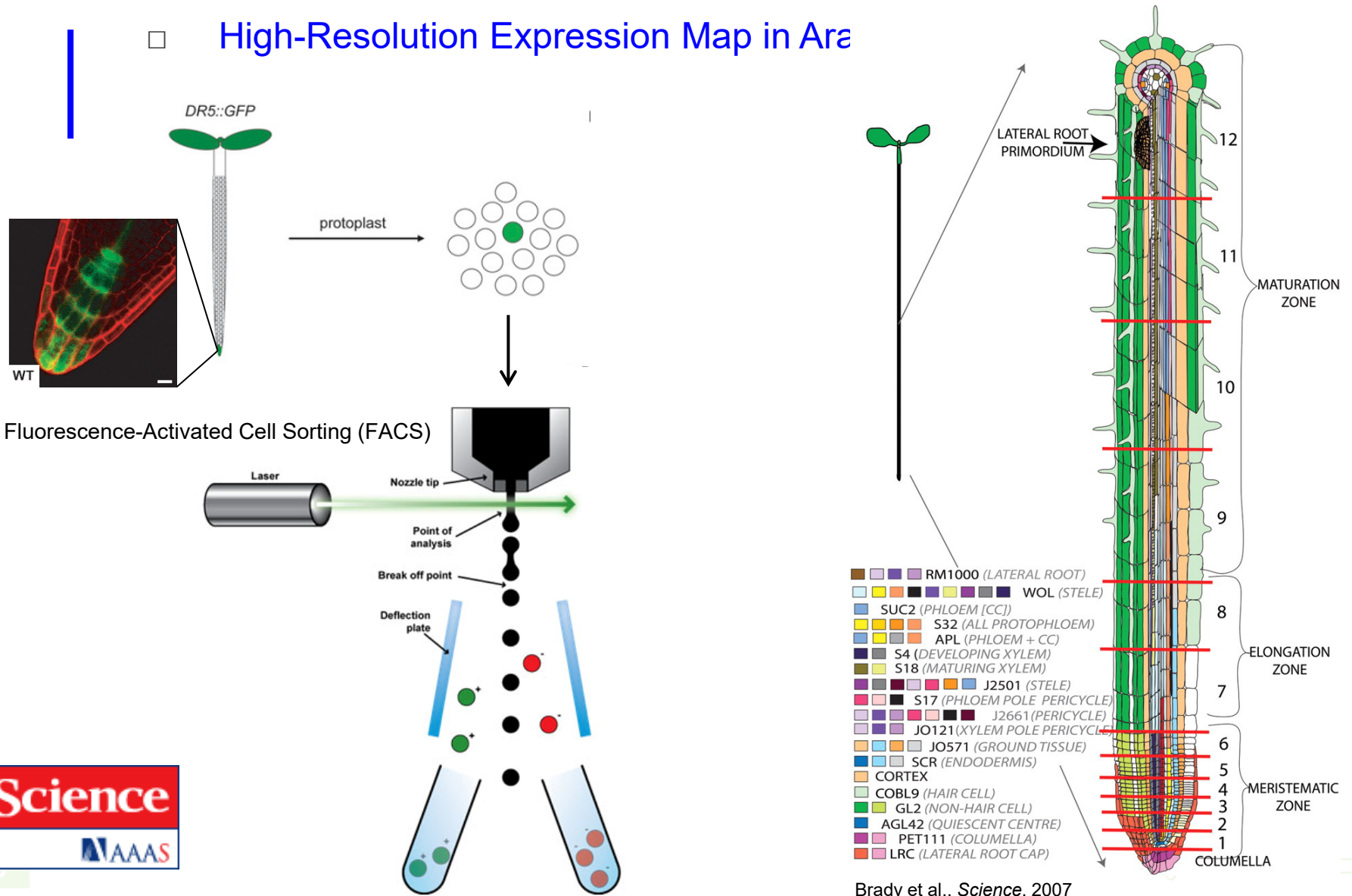


Osnova

- Metody analýzy genové exprese
 - Kvalitativní analýza exprese genů
 - Příprava **transkripční fúze** promotoru analyzovaného genu s reporterovým genem (gen zpravodaj)
 - Příprava **translační fúze** kódující oblasti analyzovaného genu s reporterovým genem
 - Využití dostupných dat ve **veřejných databázích**
 - **Tkáňově a buněčně specifická** analýza genové exprese

Expression Maps - RNA

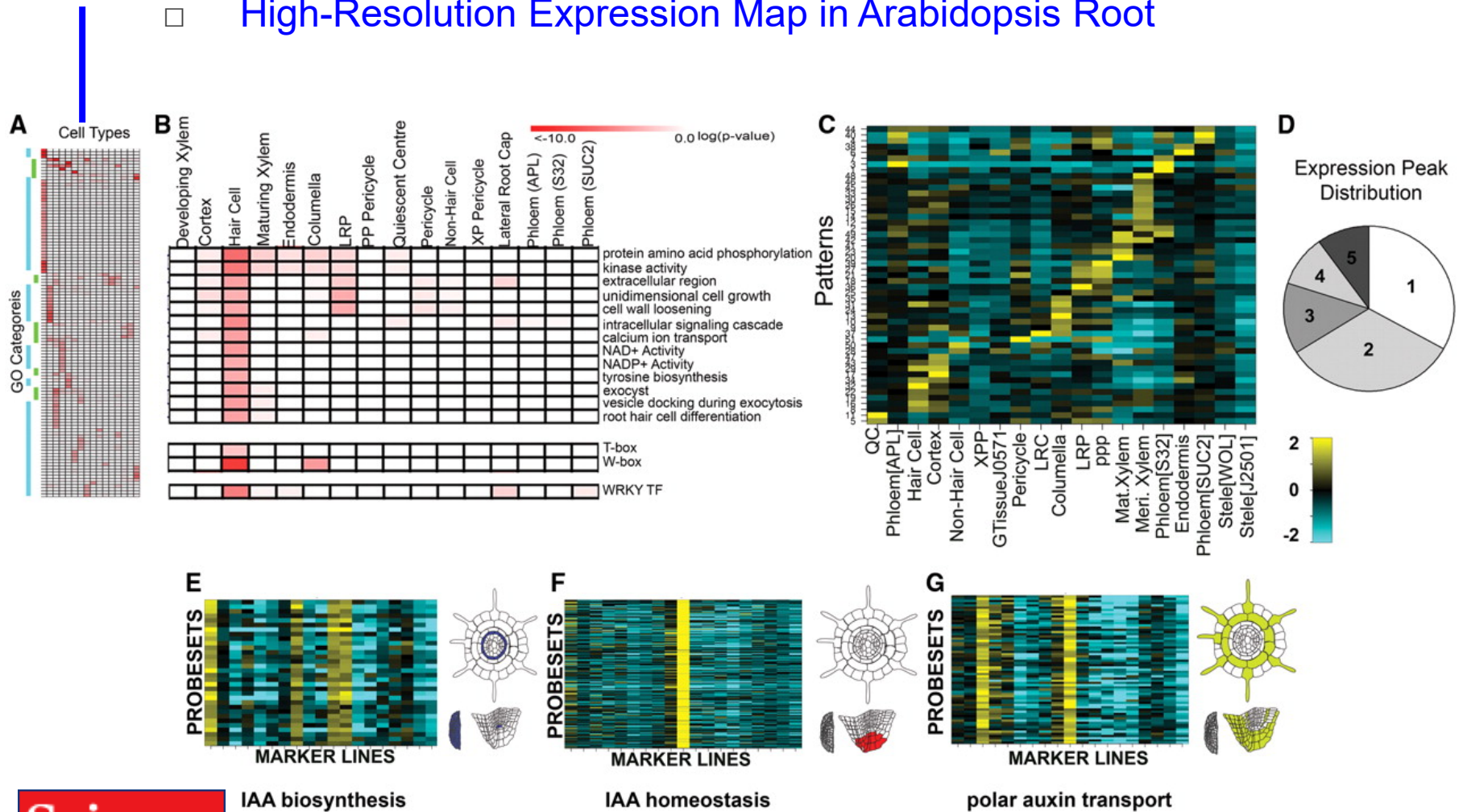
High-Resolution Expression Map in *Arabidopsis*



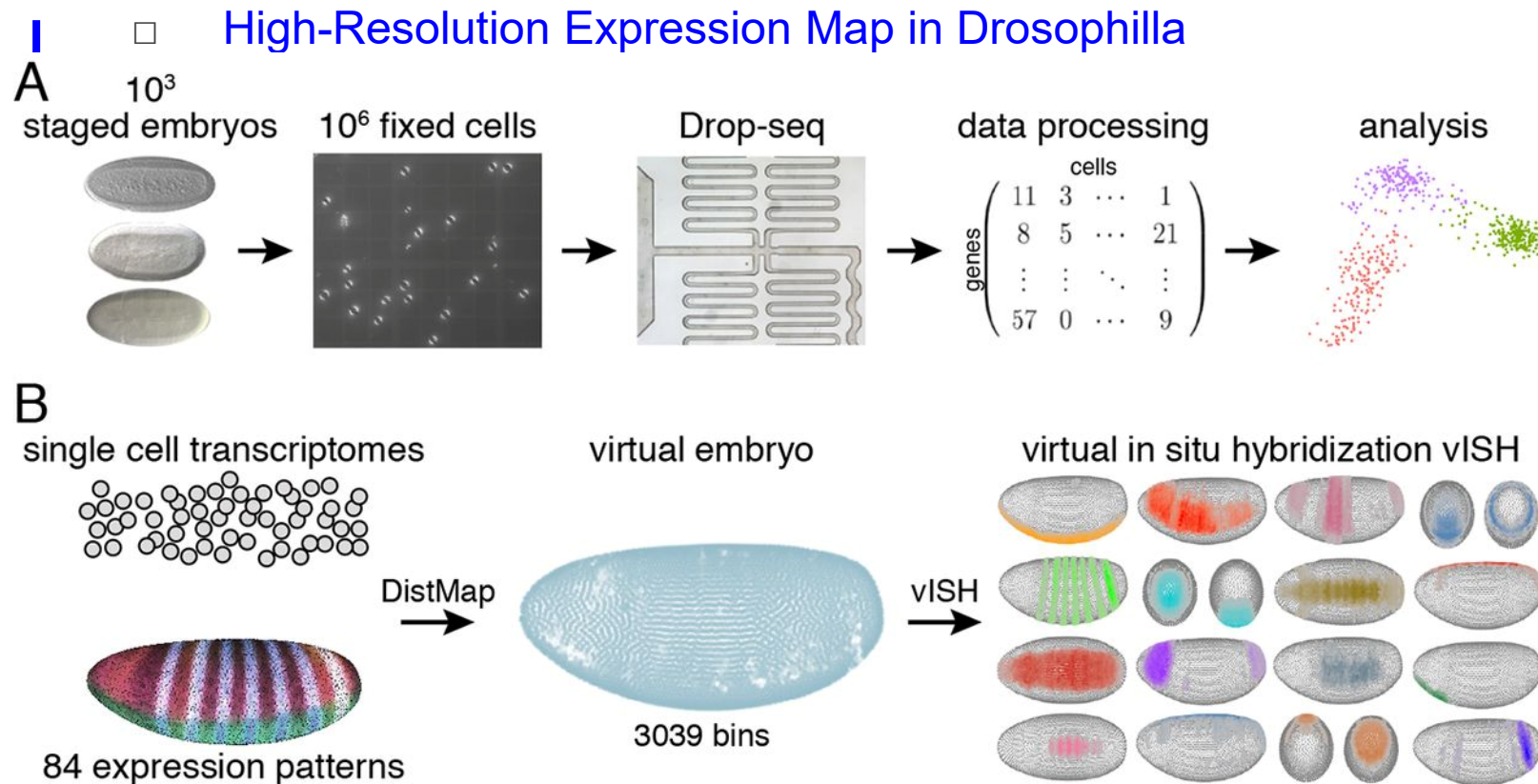
Brady et al., *Science*, 2007

Expression Maps - RNA

- High-Resolution Expression Map in Arabidopsis Root



Expression Maps - RNA

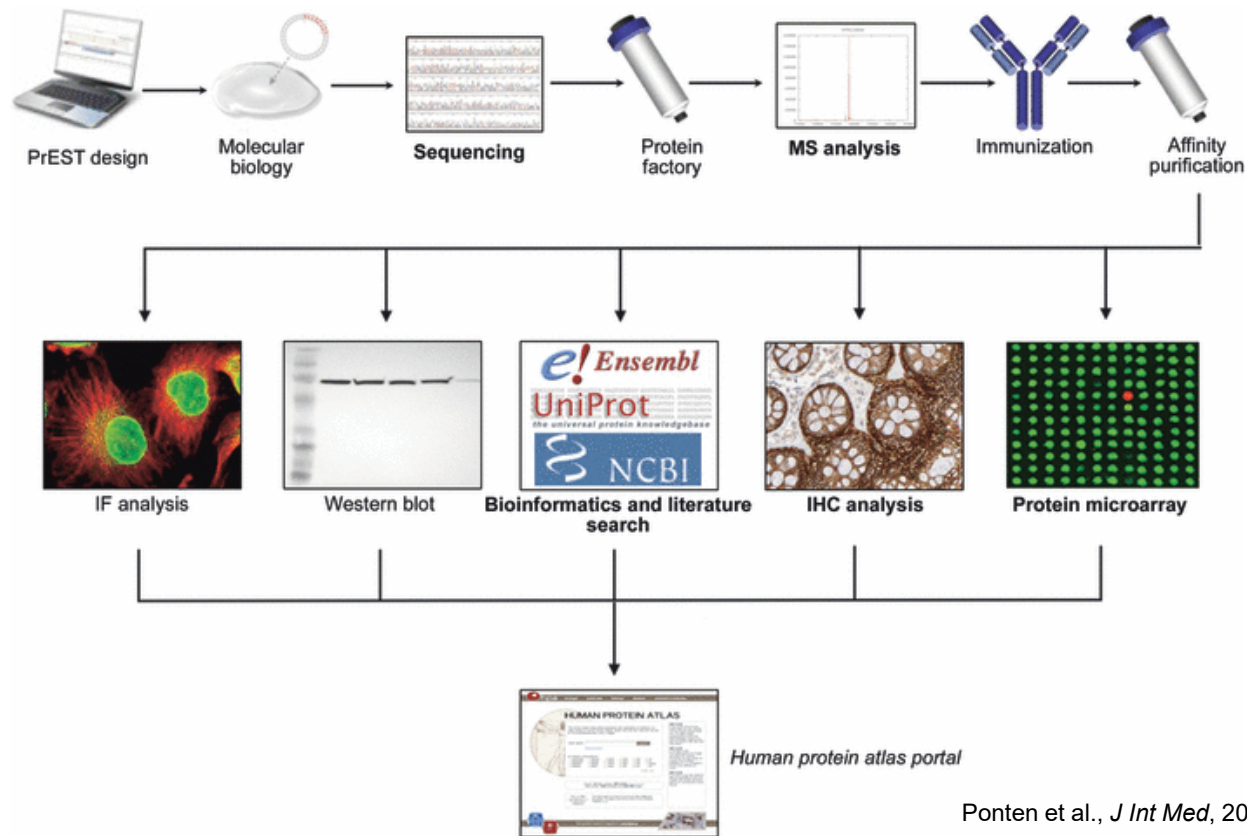


Nikos Karaïskos et al. Science 2017;science.aan3235



Expression Maps - Proteins

□ Human Protein Atlas



Ponten et al., *J Int Med*, 2011

Expression Maps - Proteins

- Human Protein Atlas
(<http://www.proteinatlas.org/>)

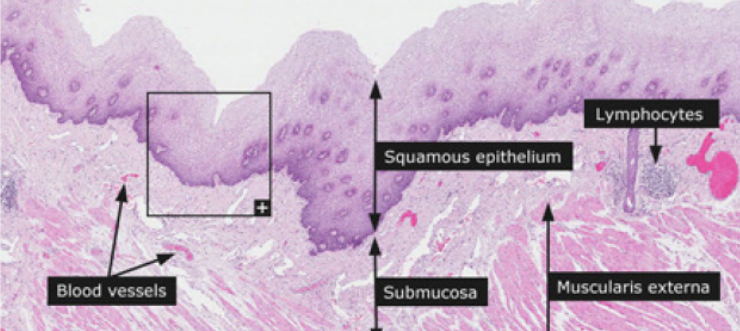
THE HUMAN PROTEIN ATLAS

ABOUT & HELP

SEARCH ? »

Search Clear Fields »

e.g. CD44, ELF3, KLK3, or use Fields to search specific fields such as [protein_class:Transcription factors](#) or [chromosome:X](#)



News

Protein evidence according to [Fagerberg et al](#) is summarized in the [chromosome progress diagram](#).

Version: **11.0**
Atlas updated: 2013-03-11
[release history](#)

15156 genes with protein expression profiles based on **18707** antibodies.

dictionary: histology of esophagus

*Knut och Alice
Wallenbergs
Stiftelse*

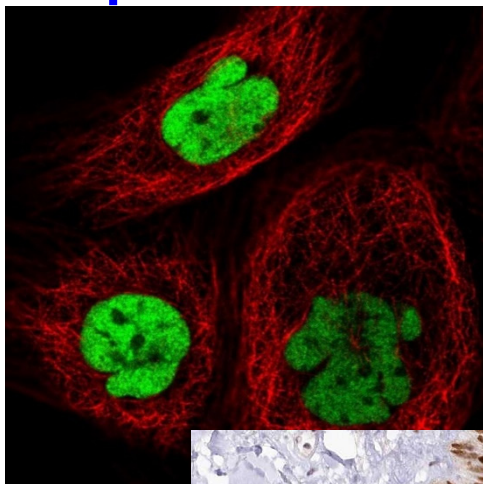
The Human Protein Atlas project is funded by the Knut & Alice Wallenberg foundation.

UPPSALA
UNIVERSITET



Expression Maps - Proteins

- Human Protein Atlas (<http://www.proteinatlas.org/>)



SUBCELLULAR LOCATION SUMMARY

Main location(s) Nucleus but not nucleoli

Additional location(s)

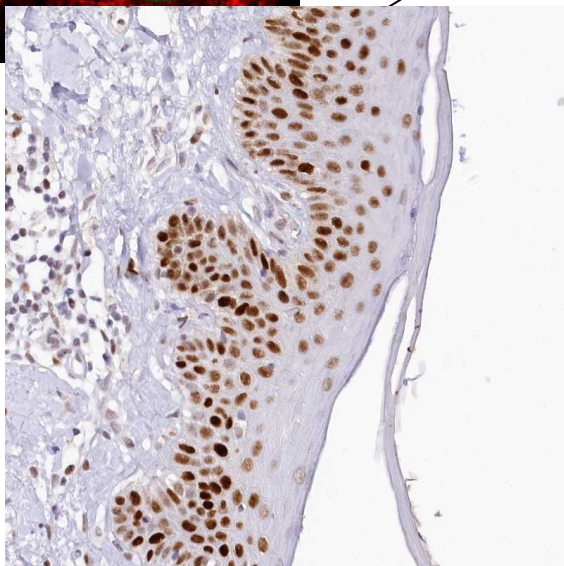
Staining summary Localized to the nucleus but excluded from the nucleoli.

Reliability (APE) High

Antibodies in assay CAB039238, CAB039239

Show image »

MORE SUBCELL DATA



NORMAL TISSUE & ORGAN SUMMARY

Expression summary Fractions of cells showed weak nuclear and/or cytoplasmic expression.

Tissue specificity Expressed in 11 out of 82 cell types

Reliability (APE) High

Antibodies in assay CAB002973, CAB039238, CAB039239

| Organ | No of cell types | Protein expression |
|------------------------|------------------|----------------------|
| CNS (brain) | 11 | <input type="text"/> |
| Hematopoietic (blood) | 8 | <input type="text"/> |
| Liver and pancreas | 5 | <input type="text"/> |
| Digestive (GI-tract) | 13 | <input type="text"/> |
| Respiratory (lung) | 4 | <input type="text"/> |
| Cardiovascular | 1 | <input type="text"/> |
| Female tissues | 13 | <input type="text"/> |
| Placenta | 2 | <input type="text"/> |
| Male tissues | 5 | <input type="text"/> |
| Urinary tract (kidney) | 3 | <input type="text"/> |
| Skin and soft tissues | 14 | <input type="text"/> |
| Endocrine tissues | 3 | <input type="text"/> |

Show image »

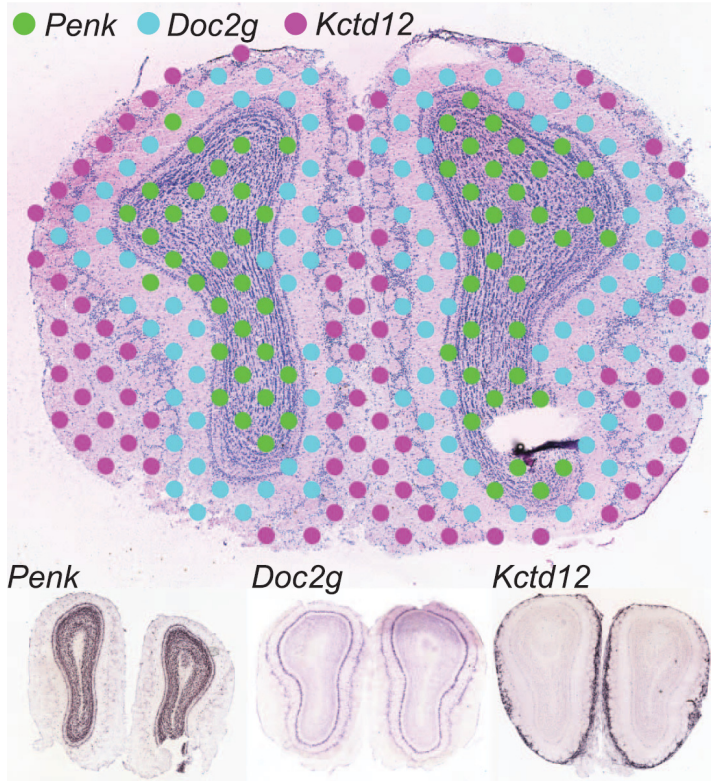
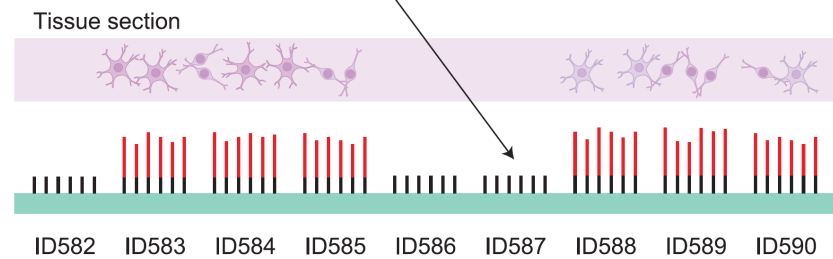
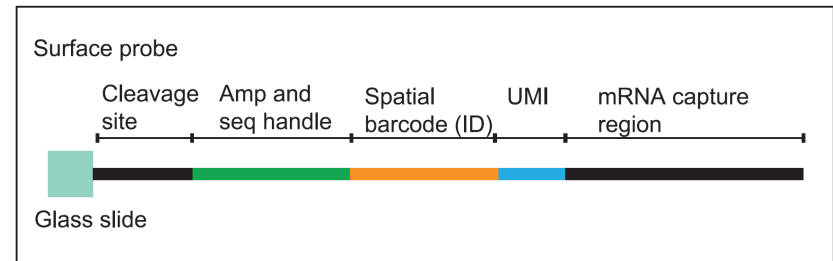
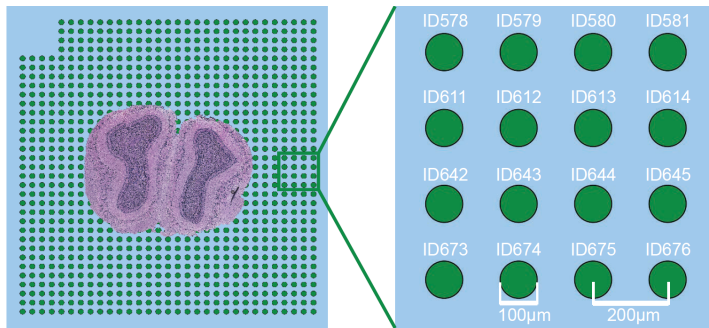
MORE TISSUE DATA

Osnova

- Metody analýzy genové exprese
 - Kvalitativní analýza exprese genů
 - Příprava transkripční fúze promotoru analyzovaného genu s reporterovým genem (gen zpravodaj)
 - Příprava translační fúze kódující oblasti analyzovaného genu s reporterovým genem
 - Využití dostupných dat ve veřejných databázích
 - Tkáňově a buněčně specifická analýza genové exprese
 - **Prostorová transkriptomika**

Prostorová transkriptomika

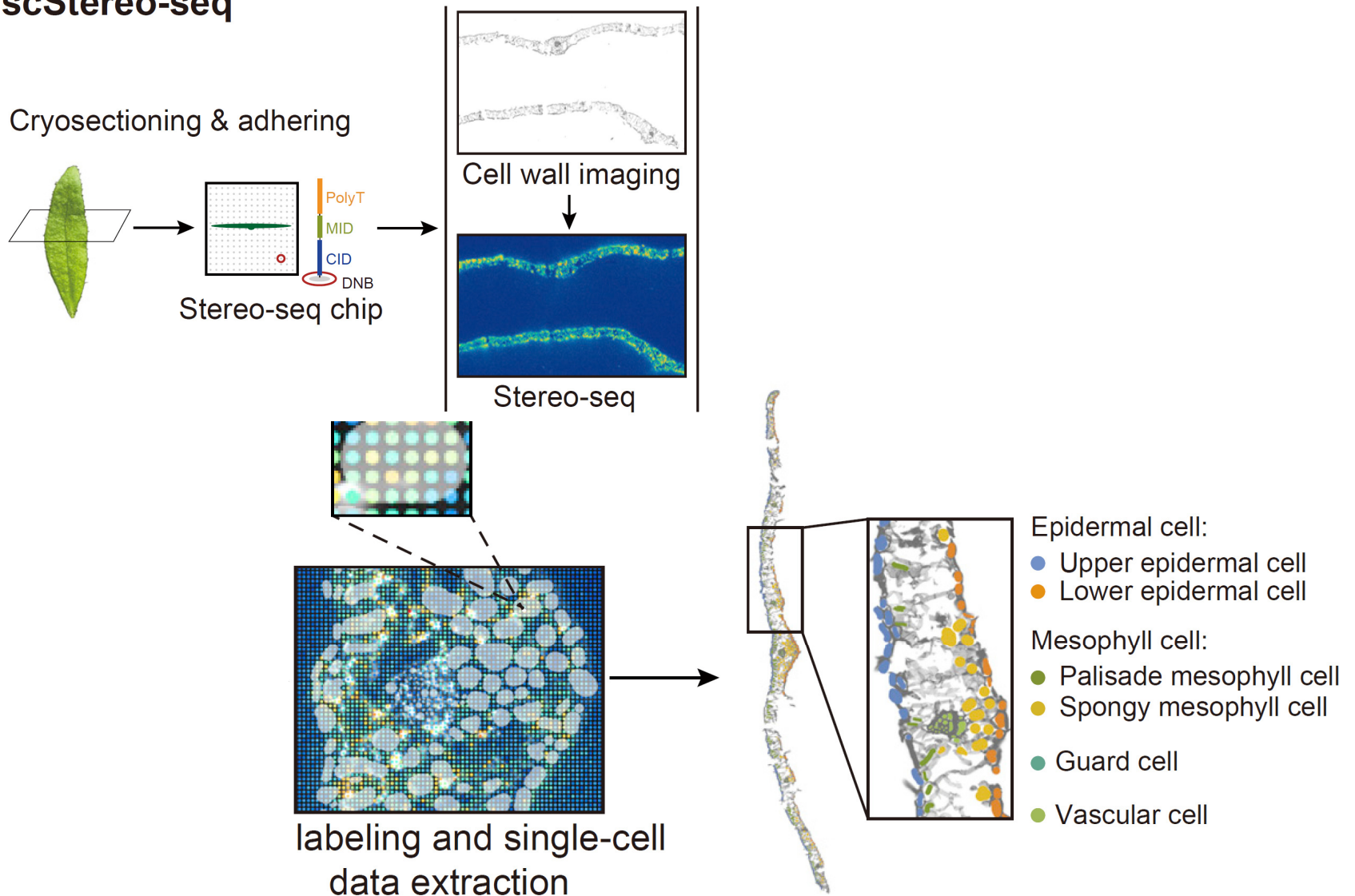
Ståhl, et al., Science, 2016



Prostorová transkriptomika

Xia, et al., *Dev. Cell*, 2022

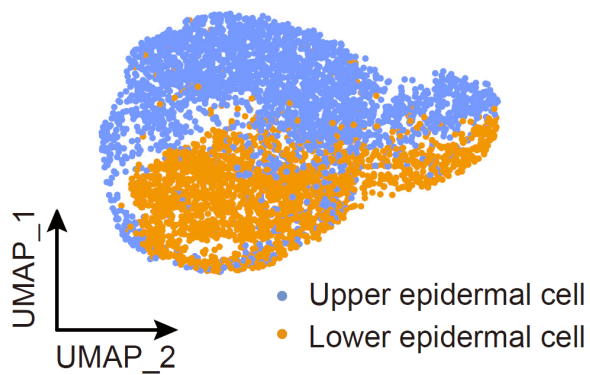
scStereo-seq



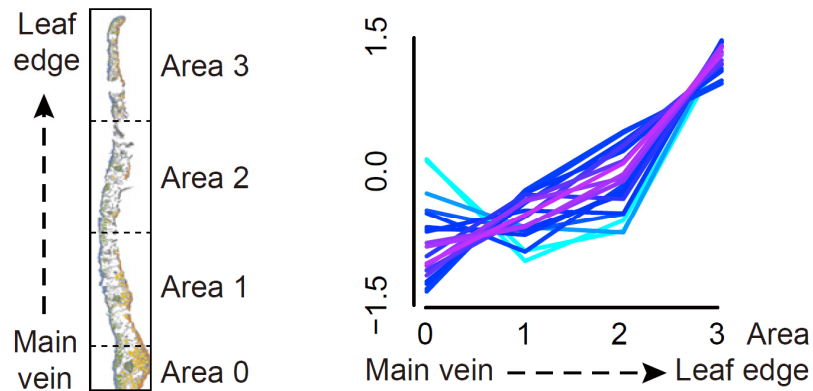
Prostorová transkriptomika

Spatial single-cell transcriptome analysis

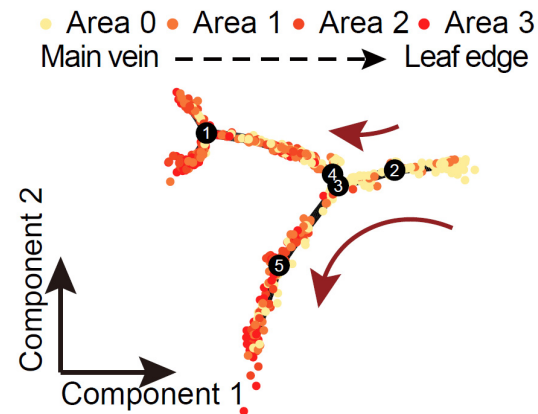
(i) Cell sub-type identification



(ii) Spatial gene expression pattern



(iii) Spatial developmental trajectory



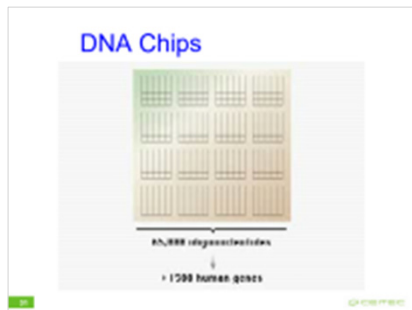
Osnova

- Metody analýzy genové exprese
 - Kvalitativní analýza exprese genů
 - Příprava transkripční fúze promotoru analyzovaného genu s reporterovým genem (gen zpravodaj)
 - Příprava translační fúze kódující oblasti analyzovaného genu s reporterovým genem
 - Využití dostupných dat ve veřejných databázích
 - Tkáňově a buněčně specifická analýza genové exprese
 - Prostorová transkriptomika
 - Kvantitativní analýza exprese
 - DNA a proteinové čipy

DNA Chips

■ DNA čipy

- metoda umožňující rychlé porovnání velkého množství genů/proteinů mezi testovaným vzorkem a kontrolou
- nejčastěji jsou používány oligo DNA čipy
- k dispozici komerčně dostupné sady pro celý genom
 - firma Operon (Qiagen), 29.110 70-mer oligonukleotidů reprezentujících 26.173 genů kódujících proteiny, 28.964 transkriptů a 87 microRNA genů *Arabidopsis thaliana*
 - možnost používat pro přípravu čipů fotolitografické techniky-usnadnění syntézy oligonukleotidů např. pro celý genom člověka (cca 3,1 x 10⁹ bp) je touto technikou možno připravit 25-mery v pouze 100 krocích)



- čipy nejen pro analýzu exprese, ale např. i genotypování (SNP polymorfizmy, sekvenování pomocí čipů, ...)

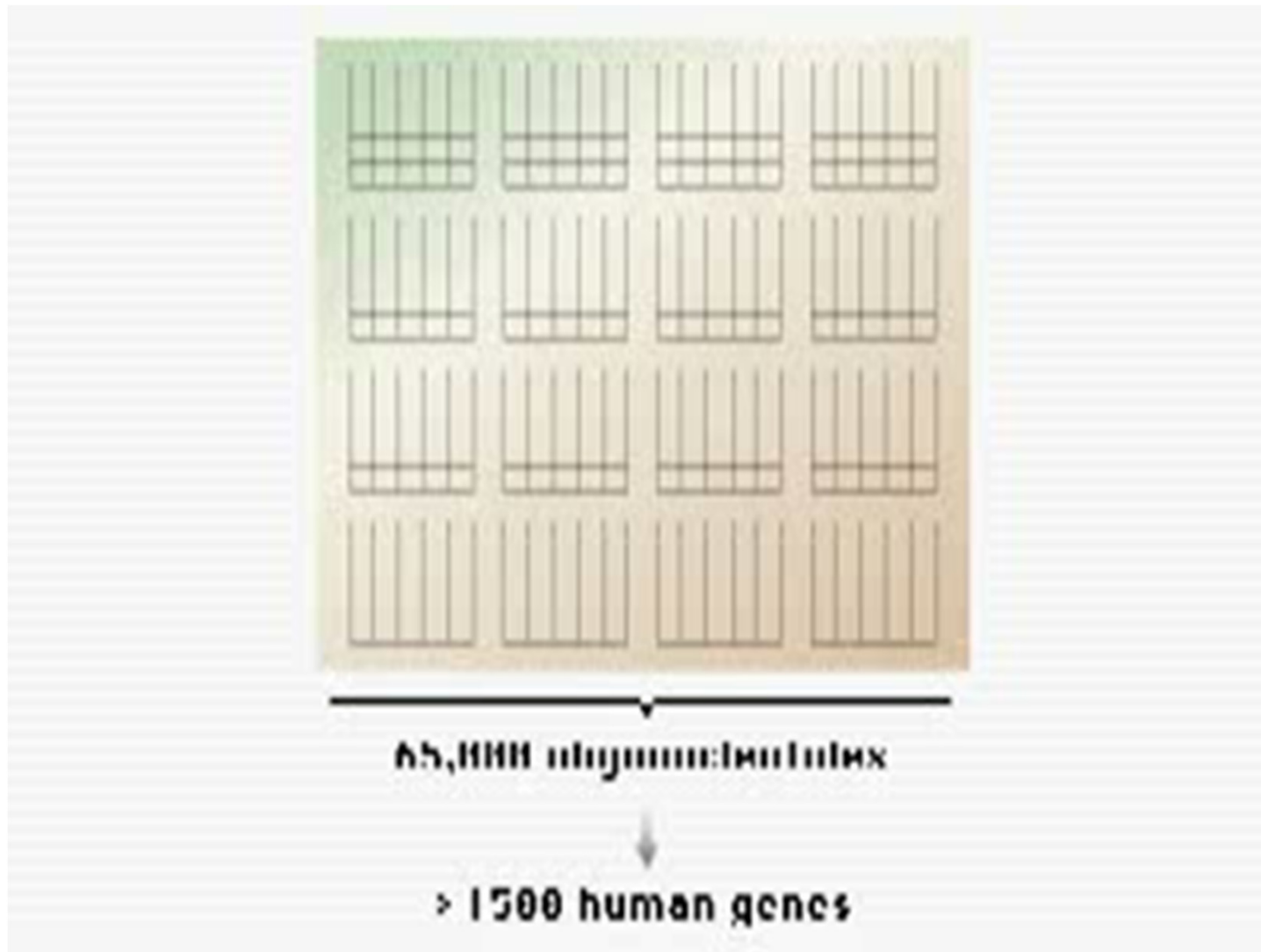


Affymetrix ATH1 *Arabidopsis* genome array

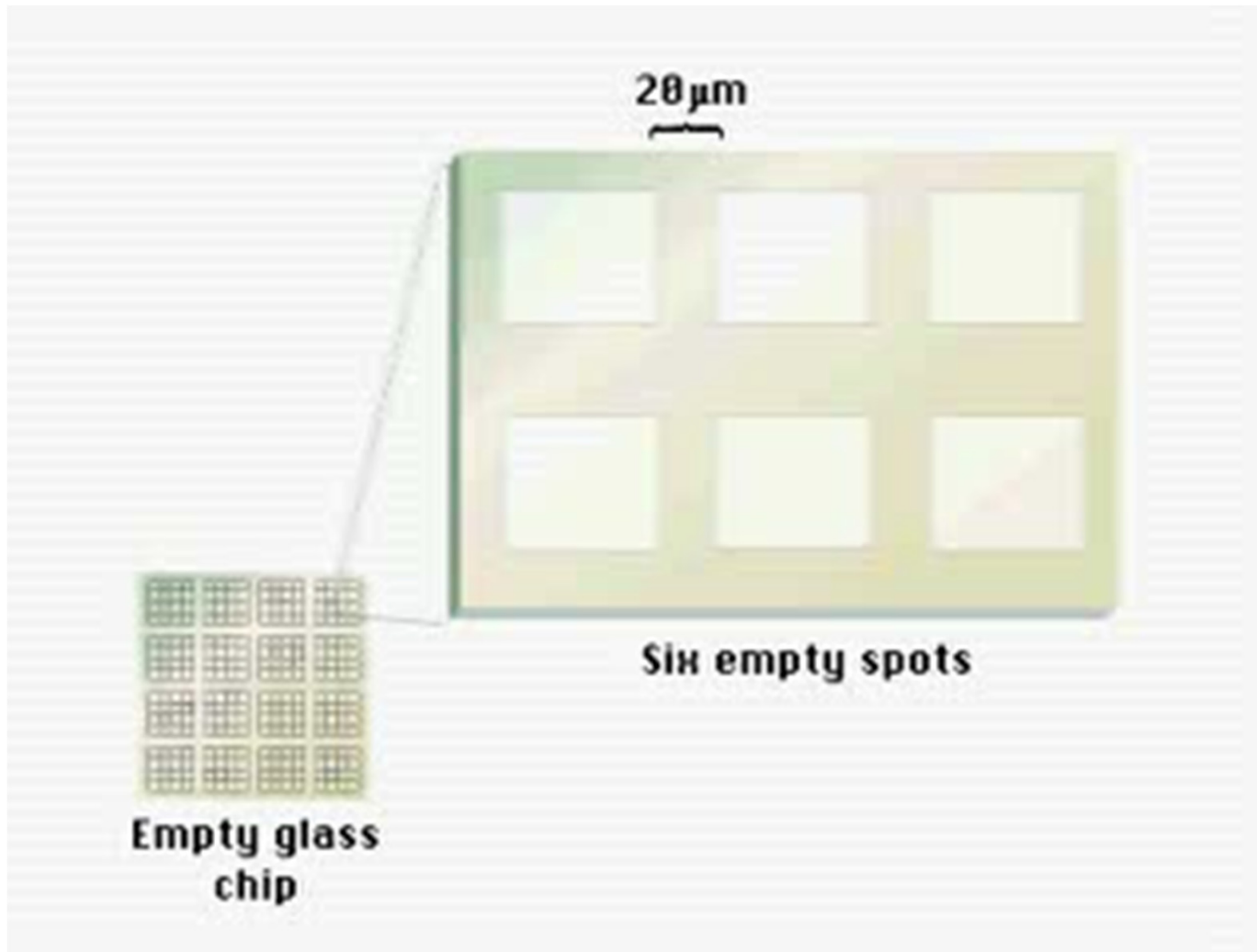
| Critical Specifications | |
|--------------------------------|---|
| Number of arrays | One |
| Number of sequence represented | >24,000 gene sequences |
| Feature size | 18 µm |
| Oligonucleotide probe length | 25-mer |
| Probe pairs/sequence | 11 |
| Control sequences | <i>E. coli</i> genes <i>bioB</i> , <i>bioC</i> , <i>bioD</i> . <i>B. subtilis</i> gene <i>lysA</i> . Phage P1 <i>cre</i> gene. <i>Arabidopsis</i> maintenance genes GAPDH, Ubiquitin, and Actin |
| Detection sensitivity | 1:100,000* |

*As measured by detection in comparative analysis between a complex target containing spiked control transcriptions and a complex target with no spikes.

DNA Chips



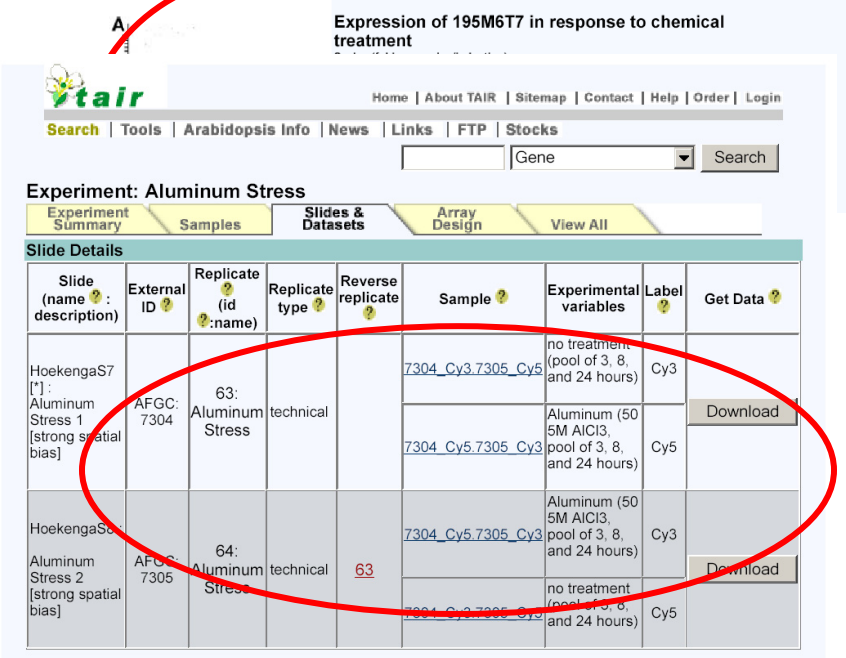
Photolithography



DNA Chips

- DNA čipy, analýza výsledků
 - pro správnou interpretaci výsledků je nutná dobrá znalost pokročilých statistických metod
 - je nutné zahrnout dostatečný počet kontrol i opakování

- kontrola na **přesnost měření** (opakované měření na několika čipech se stejným vzorkem, vynesení stejných vzorků analyzovaných na různých čipech proti sobě)
- kontrola **reproducibility měření** (opakované měření s různými vzorky, izolovanými za stejných podmínek na stejném čipu-stejně podmínky proti sobě)
- identifikace **hranice spolehlivého měření**
- konečně **vynesení experimentu proti kontrole** nebo **různých podmínek** proti sobě – vlastní výsledek



The screenshot shows the TAIR database interface for the experiment 'Aluminum Stress'. The table below is a simplified representation of the 'Slide Details' table shown in the image.

| Slide (name : description) | External ID | Replicate (id : name) | Replicate type | Reverse replicate | Sample | Experimental variables | Label | Get Data |
|---|-------------|-----------------------|----------------|-------------------|-------------------|--|-------|----------|
| HoekengaS7 [*]: Aluminum Stress 1 [strong spatial bias] | AFGC: 7304 | 63: Aluminum Stress | technical | | 7304_Cy3.7305_Cy5 | no treatment (pool of 3, 8, and 24 hours) | Cy3 | Download |
| | | | | | 7304_Cy5.7305_Cy3 | Aluminum (50 5M AlCl3, pool of 3, 8, and 24 hours) | Cy5 | |
| HoekengaS8 [*]: Aluminum Stress 2 [strong spatial bias] | AFGC: 7305 | 64: Aluminum Stress | technical | 63 | 7304_Cy5.7305_Cy3 | Aluminum (50 5M AlCl3, pool of 3, 8, and 24 hours) | Cy3 | Download |
| | | | | | 7304_Cy3.7305_Cy5 | no treatment (pool of 3, 8, and 24 hours) | Cy5 | |

- v současnosti je již velké množství výsledků různých experimentů lokalizovaných ve veřejně přístupných databázích

Che et al., 2002

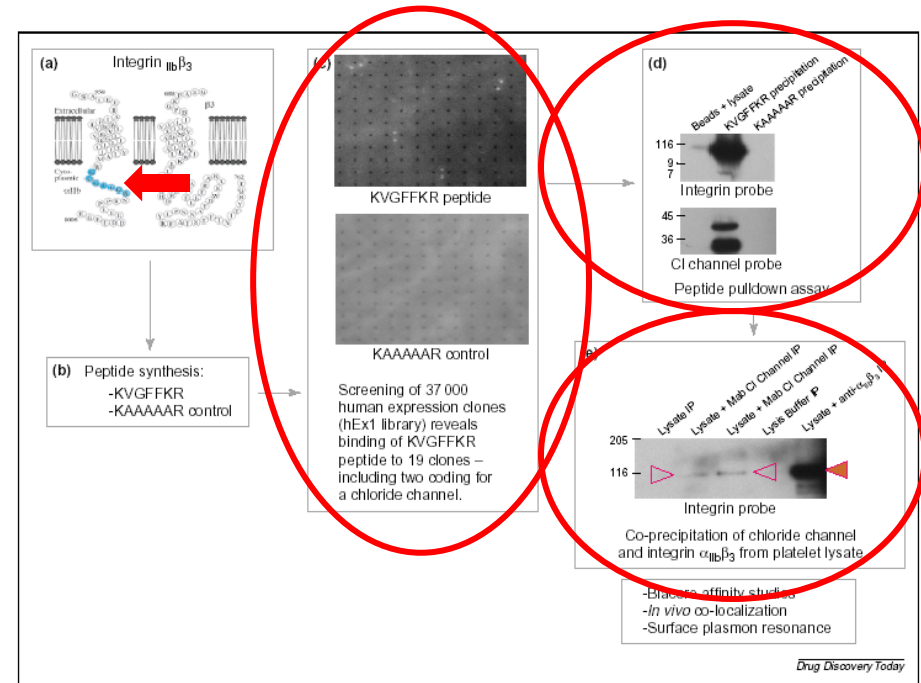
Protein Chips

- Proteinové čipy
 - čipy s vysokou denzitou obsahující řádově 10^4 proteinů
 - analýza protein-proteinových interakcí, substrátů kináz a interakcí s malými molekulami
 - možnost použít protilátky – stabilnější než samotné proteiny

Protein Chips

- Identifikace proteinů interagujících s cytoplasmatickou částí integrinu $\alpha_{IIb}\beta_3$ krevních destiček

- exprese cytoplasmatické části jako fúzního peptidu biotin-KVGFFKR
 - analýza vazby s proteinovým čipem obsahujícím 37.000 klonů *E.coli* exprimujících lidské rekombinantní proteiny
 - potvrzení interakce pull-down analýzou peptidů i koprecipitací celých proteinů (chloridový kanál ICln)
 - další využití např. při identifikaci substrátů kináz, kdy substráty jsou navázány na čip a vystaveny působení kináz za přítomnosti radiokativně značeného ATP (768 purif. proteinů ječmene, z nich 21 identifikováno jako substráty kinázy CK2 α , Kramer et al., 2004)



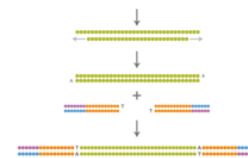
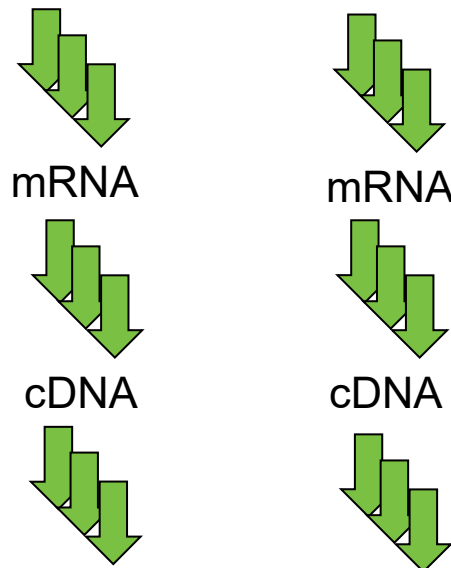
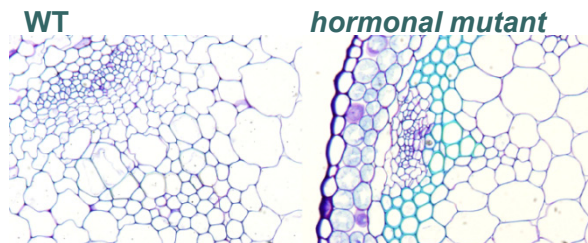
Lueking et al., 2005

Osnova

- Metody analýzy genové exprese
 - Kvalitativní analýza exprese genů
 - Příprava transkripční fúze promotoru analyzovaného genu s reporterovým genem (gen zpravodaj)
 - Příprava translační fúze kódující oblasti analyzovaného genu s reporterovým genem
 - Využití dostupných dat ve veřejných databázích
 - Tkáňově a buněčně specifická analýza genové exprese
 - Prostorová transkriptomika
 - Kvantitativní analýza exprese
 - DNA a proteinové čipy
 - Next gen transkripční profilování

Next Gen Transcriptional Profiling

- *Transcriptional profiling* via *RNA sequencing*



~2 h [15 min hands-on (Nextera)]
< 6 h [< 3 h hands-on (TruSeq)]



~5 h (<10 min hands-on)



~1.5 to 11 days



2 days (30 min hands-on)

Sequencing by Illumina and
number of transcripts determination

Results of –omics Studies vs Biologically Relevant Conclusions

- Transcriptional profiling yielded more than **7K differentially regulated genes...**

Ddii et al., unpublished

| gene | locus | sample_1 | sample_2 | status | value_1 | value_2 | log2(fold_change) | test_stat | p_value | q_value | significant |
|-----------|---------------------|----------|----------|--------|------------|----------|-------------------|--------------|-------------|-------------|-------------|
| AT1G07795 | 1:2414285-2414967 | WT | MT | OK | 0 | 1,1804 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 6.88885e-05 | 0,00039180 | 1 yes |
| HRS1 | 1:4556891-4558708 | WT | MT | OK | 0 | 0,696583 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 6.61994e-06 | 4.67708e-05 | yes |
| ATMLO14 | 1:9227472-9232296 | WT | MT | OK | 0 | 0,514609 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 9.74219e-05 | 0,00053505 | 5 yes |
| NRT1.6 | 1:9400663-9403789 | WT | MT | OK | 0 | 0,877865 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 3.2692e-08 | 3.50131e-07 | yes |
| AT1G27570 | 1:9575425-9582376 | WT | MT | OK | 0 | 2,0829 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 9.76039e-06 | 6.647e-05 | yes |
| AT1G60095 | 1:22159735-22162419 | WT | MT | OK | 0 | 0,688588 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 9.95901e-08 | 9.84992e-07 | yes |
| AT1G03020 | 1:698206-698515 | WT | MT | OK | 0 | 1,78859 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 0,00913915 | 0,0277958 | yes |
| AT1G13609 | 1:4662720-4663471 | WT | MT | OK | 0 | 3,55814 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 0,00021683 | 0,00108079 | yes |
| AT1G21550 | 1:7553100-7553876 | WT | MT | OK | 0 | 0,562868 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 0,00115582 | 0,00471497 | yes |
| AT1G22120 | 1:7806308-7809632 | WT | MT | OK | 0 | 0,617354 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 2.48392e-06 | 1.91089e-05 | yes |
| AT1G31370 | 1:11238297-11239363 | WT | MT | OK | 0 | 1,46254 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 4.83523e-05 | 0,00028514 | 3 yes |
| APUM10 | 1:13253397-13255570 | WT | MT | OK | 0 | 0,581031 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 7.87855e-06 | 5.46603e-05 | yes |
| AT1G48700 | 1:18010728-18012871 | WT | MT | OK | 0 | 0,556525 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 6.53917e-05 | 0,00037473 | 6 yes |
| AT1G59077 | 1:21746209-21833195 | WT | MT | OK | 0 | 138,886 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 0,00122789 | 0,00496816 | yes |
| AT1G60050 | 1:22121549-22123702 | WT | MT | OK | 0 | 0,370087 | 1.79769e+308 | 1.79769e+308 | 0,00117953 | 0,0048001 | yes |
| AT4G15242 | 4:8705786-8706997 | WT | MT | OK | 0,00930712 | 17,9056 | 10,9098 | -4,40523 | 1.05673e-05 | 7.13983e-05 | yes |
| AT5G33251 | 5:12499071-12500433 | WT | MT | OK | 0,0498375 | 52,2837 | 10,0349 | -9,8119 | 0 | 0 | yes |
| AT4G12520 | 4:7421055-7421738 | WT | MT | OK | 0,0195111 | 15,8516 | 9,66612 | -3,90043 | 9.60217e-05 | 0,000528904 | yes |
| AT1G60020 | 1:22100651-22105276 | WT | MT | OK | 0,0118377 | 7,18823 | 9,24611 | -7,50382 | 6.19504e-14 | 1.4988e-12 | yes |
| AT5G15360 | 5:4987235-4989182 | WT | MT | OK | 0,0988273 | 56,4834 | 9,1587 | -10,4392 | 0 | 0 | yes |

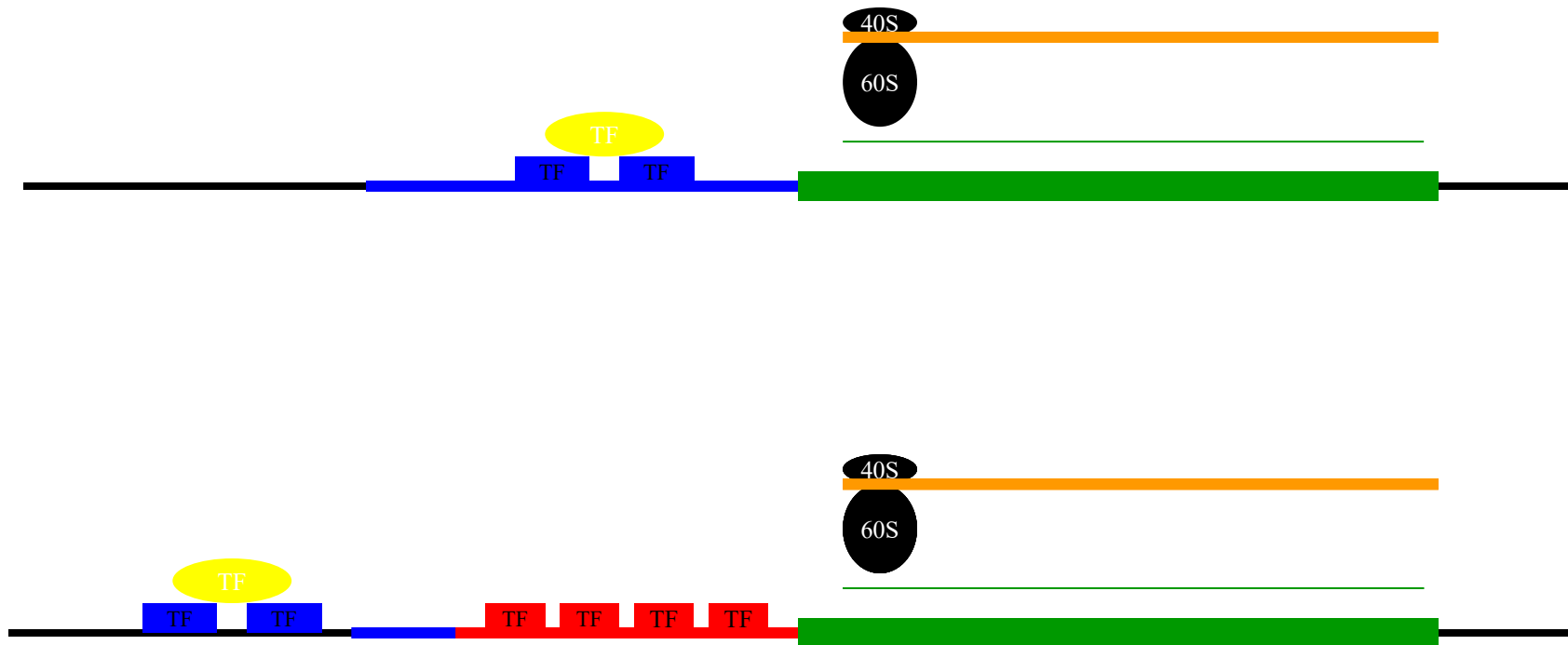
Osnova

- **Metody analýzy genové exprese**
 - **Kvalitativní analýza exprese genů**
 - Příprava **transkripční fúze** promotoru analyzovaného genu s reporterovým genem (gen zpravodaj)
 - Příprava **translační fúze** kódující oblasti analyzovaného genu s reporterovým genem
 - Využití dostupných dat ve **veřejných databázích**
 - **Tkáňově a buněčně specifická analýza genové exprese**
 - **Prostorová transkriptomika**
 - **Kvantitativní analýza exprese**
 - **DNA a proteinové čipy**
 - **Next gen transkripční profilování**
- **Regulace genové exprese v identifikaci funkce genů**
přístupy **získané funkce**
 - **T-DNA aktivační mutageneze**

Gain-of-Function Approaches

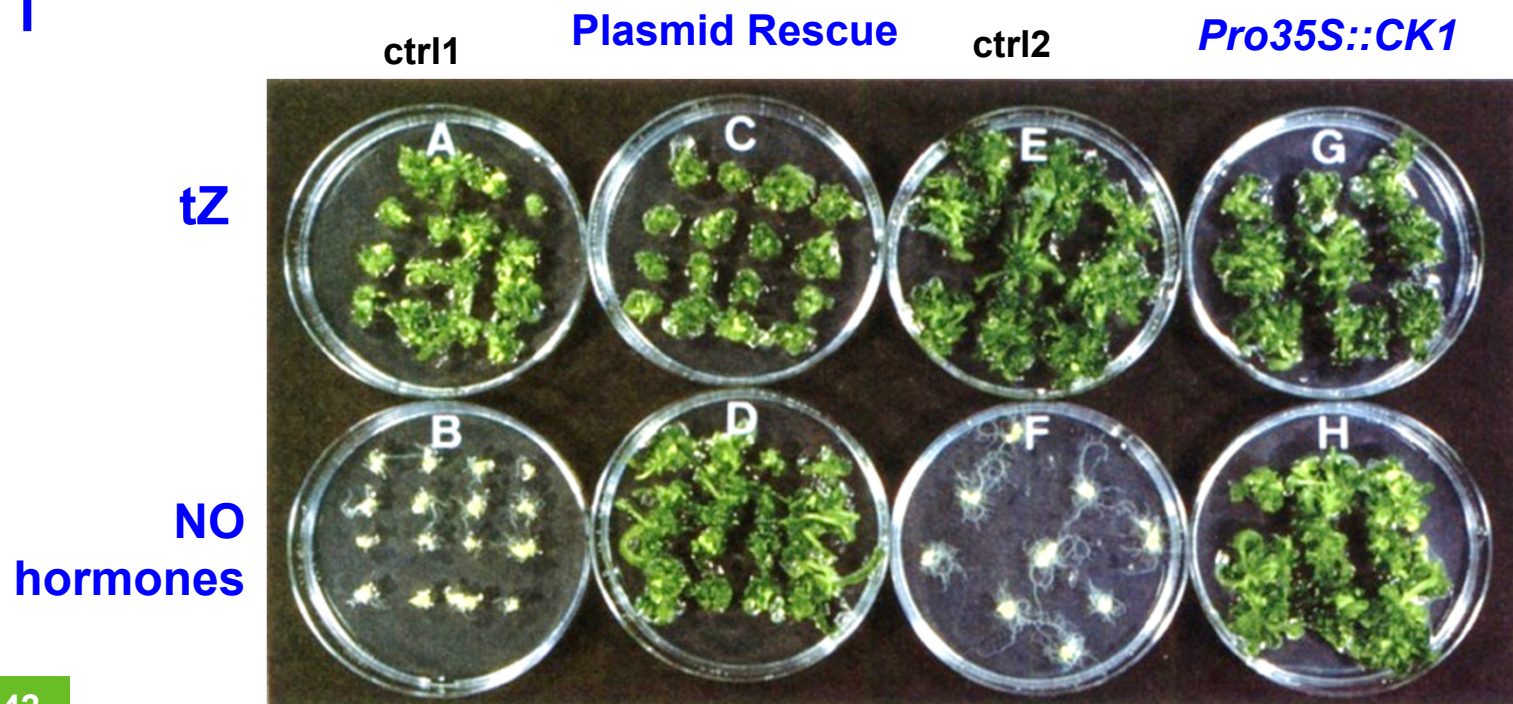
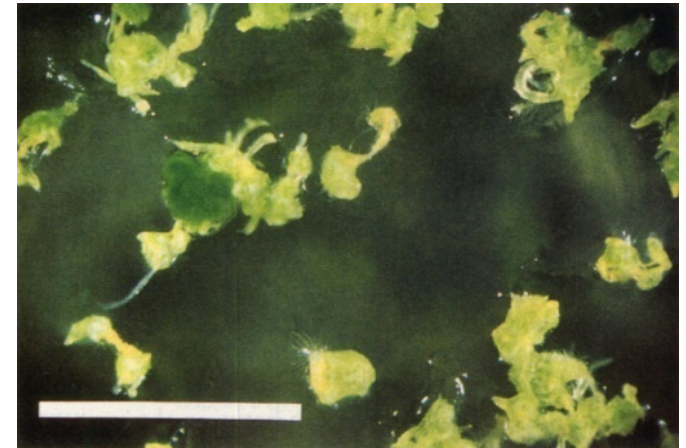
- Metody identifikace funkce genů pomocí přístupů získané funkce
 - T-DNA aktivační mutagenese
 - metoda umožňující izolaci dominantních mutantů prostřednictvím náhodné inserce konstitutivního promotoru, vedoucí k nadměrné expresi genu a tím odpovídajícím fenotypovým změnám
 - prvním krokem je příprava mutantní knihovny připravené pomocí transformace silného konstitutivního promotoru nebo zesilovače
 - následuje vyhledávání zajímavých fenotypů
 - identifikace zasaženého genu např.pomocí plasmid-rescue

Activation Mutagenesis



Izolace genu *CKI1*

- Tatsuo Kakimoto, *Science* 274 (1996), 982-985
- izolace genu pomocí aktivační mutageneze



Osnova

- **Metody analýzy genové exprese**
 - **Kvalitativní analýza exprese genů**
 - Příprava **transkripční fúze** promotoru analyzovaného genu s reporterovým genem (gen zpravodaj)
 - Příprava **translační fúze** kódující oblasti analyzovaného genu s reporterovým genem
 - Využití dostupných dat ve **veřejných databázích**
 - **Tkáňově a buněčně specifická** analýza genové exprese
 - **Prostorová transkriptomika**
 - **Kvantitativní analýza exprese**
 - **DNA a proteinové čipy**
 - **Next gen transkripční profilování**
- **Regulace genové exprese v identifikaci funkce genů**
přístupy získané funkce
 - **T-DNA aktivační mutageneze**
 - **Ektopická exprese a systémy regulovatelné genové exprese**

Regulated Expression Systems

- umožňují časovou nebo místně specifickou regulaci genové exprese, vedoucí ke změně fenotypu a tím identifikaci přirozené funkce genu
 - pOP systém

Regulated Expression Systems



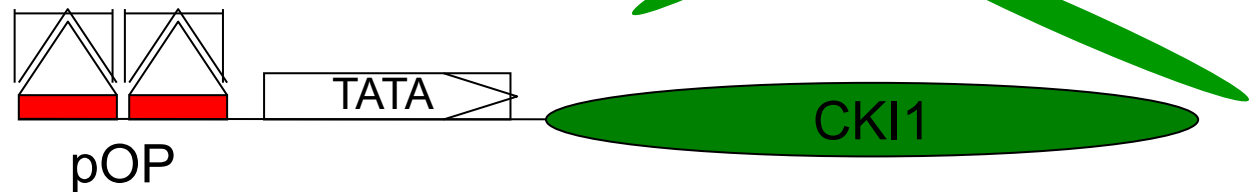
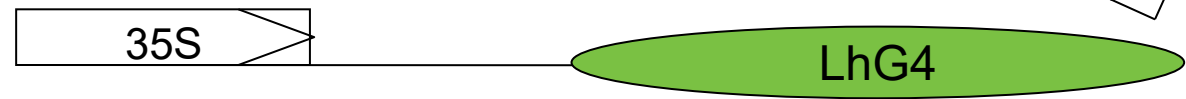
activator
X



activator x reporter



reporter



Regulated Expression Systems



activator X

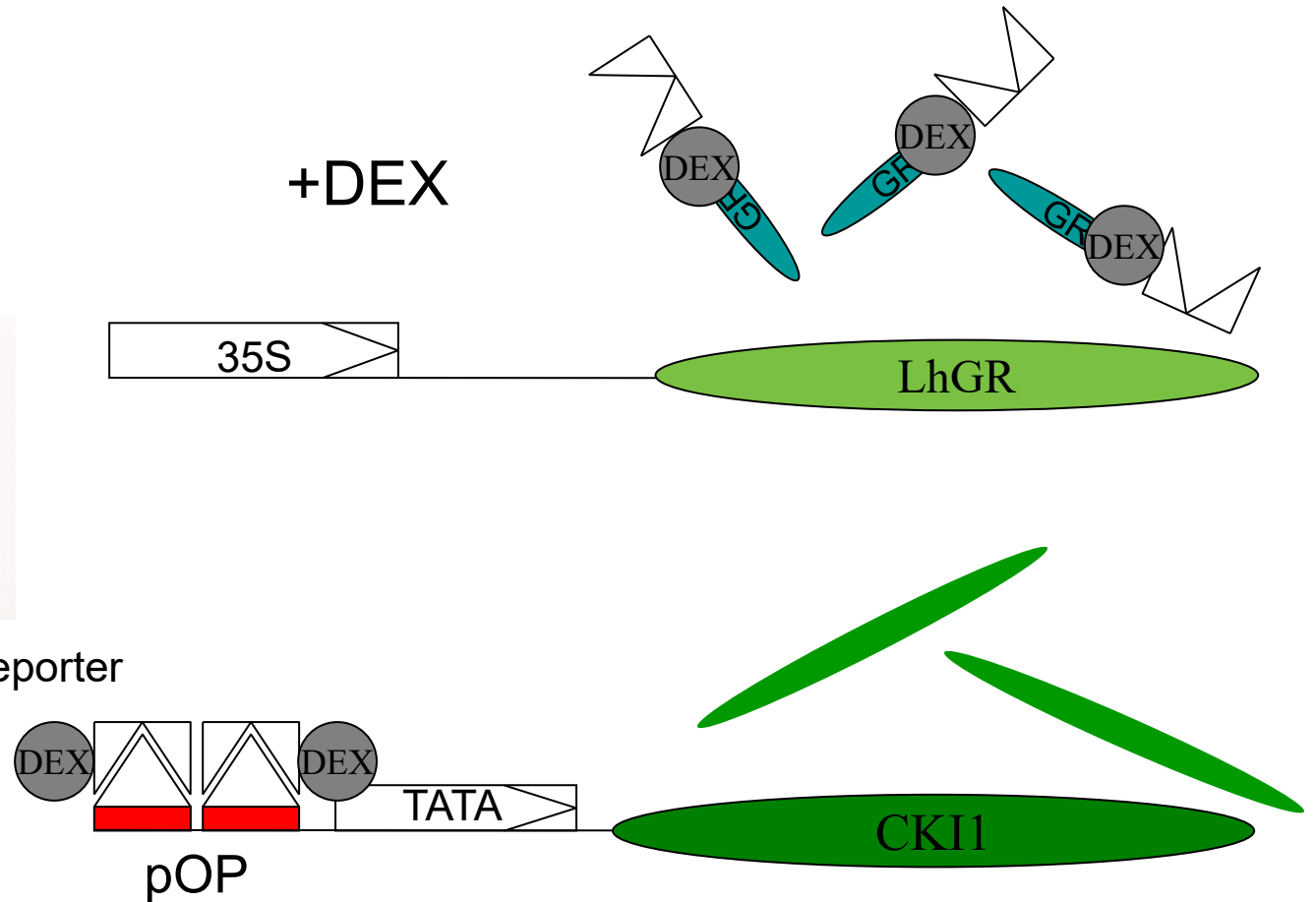


activator x reporter



reporter

+DEX



Regulated Expression Systems



activator X

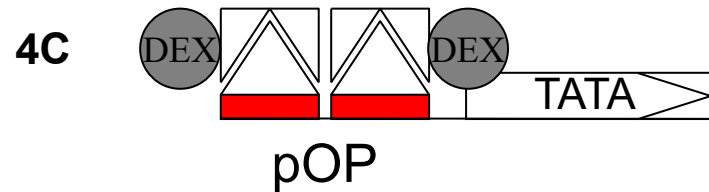
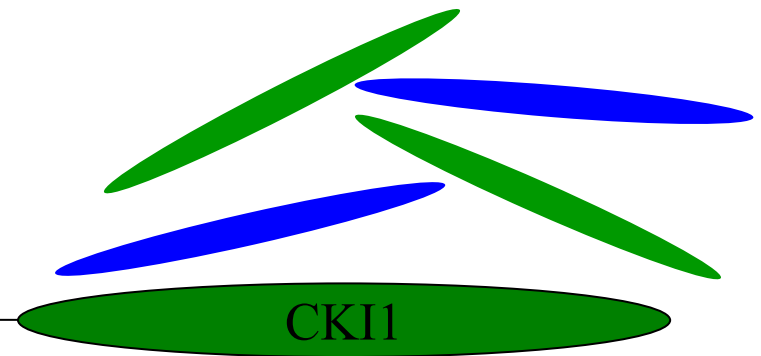
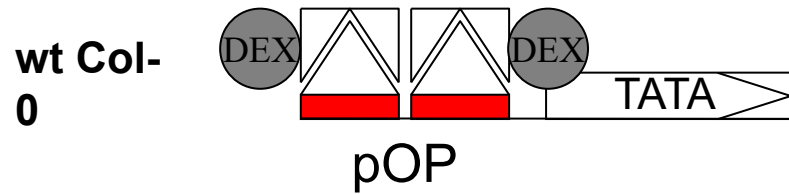
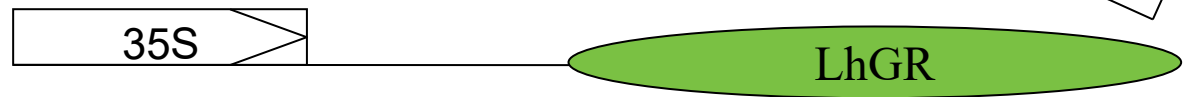


activator x reporter



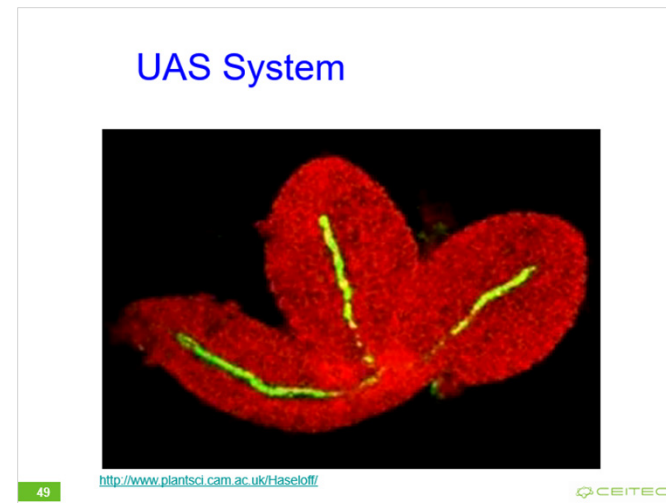
reporter

+DEX



Regulated Expression Systems

- umožňují časovou nebo místně specifickou regulaci genové exprese, vedoucí ke změně fenotypu a tím identifikaci přirozené funkce genu
 - pOP systém
 - UAS systém



UAS System



<http://www.plantsci.cam.ac.uk/Haseloff/>

Klíčové koncepty

- **Genová exprese** je specifická v místě i čase
 - Analýza časoprostorové specifity genové exprese pomocí
 - **Transkripční fúze** promotoru analyzovaného genu s reporterovým genem (gen zpravodaj)
 - **Translační fúze** kódující oblasti analyzovaného genu s reporterovým genem
 - Veřejně dostupné **databáze** často s **buněčným rozlišením**
 - **Kvantitativní analýza** genové exprese
 - **DNA a proteinové čipy**
 - **Next gen** transkripční profilování
- **Regulací** genové exprese lze identifikovat **funkci** genů - přístupy **získané funkce**

Diskuse