

**Zápis ze schůze výboru Genetické společnosti Gregora Mendela konané dne  
29. 5. 2015 v Mendelově muzeu v Brně**

Přítomni: Čellárová, Doškař, Holá, Knoll, Kočová, Miadoková, Slaninová, Šeda, Šmarda, Tomáška

Omluveni: Mašek, Nešvera, Zadražil, Zelený, Relichová

Program schůze:

1. Zpráva o činnosti výboru za uplynulé období, kontrola zápisu z minulé schůze
2. Zhodnocení posledního čísla IL, projednání obsahu následujícího čísla
3. Volba a rozdělení funkcí mezi členy nově zvoleného výboru
4. Projednání změn právní úpravy sdružovacího práva a z toho plynoucí zákonné povinnosti změn pro GSGM
5. Informace o stavu členské základny GSGM
6. Různé

ad 1)

Schůze výboru se tentokrát uskutečnila během semináře o výuce genetiky na českých a slovenských univerzitách, který se konal v Mendelově muzeu. Zahájil jí prof. Doškař uvedením jednotlivých bodů programu a stručnou zprávou o činnosti výboru za uplynulé období. Zdůraznil, že hlavní pozornost v uplynulém období byla věnována přípravě semináře, jehož koordinátorem byl prof. Tomáška ve spolupráci s dalšími členy výboru, zejména prof. Doškařem, dr. Zeleným, doc. Slaninovou a dalšími. Příspěvky na seminář připravili i někteří další členové výboru (prof. Čellárová, dr. Kočová, dr. Holá). Dále byla provedena kontrola zápisu z minulé schůze výboru a bylo konstatováno, že úkoly, stanovené na minulé schůzi byly splněny.

ad 2)

Byla pozitivně hodnocena vysoká úroveň posledního čísla IL a prof. Šmarda stručně představil připravované číslo. Požádal přítomné členy výboru o včasné zasílání příspěvků a materiálů pro přípravu nových čísel IL, zejména upravené autoreferáty úspěšně obhájených doktorských dizertačních prací, které se staly nedílnou součástí IL. Přítomní členové výboru a redaktoři IL slíbili v tomto směru maximální součinnost.

ad 3)

Do nového výboru společnosti byla uvítána nová členka dr. Dana Holá. Poté byli přítomnými členy nového výboru GSGM zvoleni tajným hlasováním do funkcí jednotliví členové. Volba do všech funkcí byla jednomyslná s následujícím rozložením funkcí: předseda prof. Doškař, místopředsedové prof. Tomáška, prof. Relichová, prof. Zadražil, tajemník dr. Kočová, hospodáři prof. Knoll, doc. Slaninová, hlavní redaktor prof. Šmarda, redaktoři doc. Šeda, dr. Holá, prof. Miadoková. Funkci revizorů účtů budou ve výboru GSGM zastávat prof. Čellárová, dr. Mašek, dr. Nešvera. Členem výboru zůstává rovněž dr. Zelený.

ad 4)

Byly projednány nezbytné povinnosti společností spojené se změnami vyplývajícími z přechodu na novou zákonnou úpravu. V nejbližším období to budou změny zapsaných údajů ve spolkovém rejstříku, tj. zejména uvedení stávajícího názvu společnosti do souladu s požadavky NOZ (zodpovídá předseda Doškař, lhůta na tuto změnu je do dvou let ode dne nabytí účinnosti NOZ). Na následující schůzi výboru budou detailněji projednány změny, týkající se přizpůsobení stanov požadavkům NOZ. Lhůta na tuto změnu je do tří let ode dne nabytí účinnosti NOZ.

ad 5)

Od minulé schůze výboru nebyla doručena žádná nová přihláška za člena společnosti. Výbor obdržel žádost o zrušení členství dr. Evě Sýkorové, která požádala písemně o zrušení členství 17. 12. 2014. Výbor žádost schválil a členství zrušil. Dále byly projednány některé dotazy členů týkající se úhrady členských příspěvků.

ad 6)

Vzhledem k tomu, že schůze výboru byla během konání semináře o výuce genetiky, diskutovaly se ještě některé postřehy z právě probíhajícího semináře. Hlavní organizátoři semináře připraví příspěvek do nadcházejícího čísla IL. Výstupy ze semináře (užitečné odkazy) budou zveřejněny na webových stránkách semináře Přírodovědeckej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave (zodpovídá prof. Tomáška).

Zapsala: M. Kočová

**VYÚČTOVÁNÍ HOSPODAŘENÍ GSGM OD 1.1.2014 DO 31.12.2014 ZA ČR**

<b>Zůstatek k 31.12.2013</b>		<b>28797,39 Kč</b>
z toho	na účtu KB	25986,39
	v pokladně	2811,00

---

<b>Příjmy</b>		<b>6951,15 Kč</b>
1. úroky z účtu u KB		1,15
2. členské příspěvky (6950 Kč):		
z toho	placené na účet KB	4800,-
	placené hotově	2150,-

---

<b>Výdaje</b>		<b>2005,- Kč</b>
1. poplatky bance za vedení účtu a položky		1745,-
2. drobné občerstvení - schůze výboru		260,-

---

<b>Zůstatek k 31.12.2014</b>		<b>33743,54 Kč</b>
z toho	na účtu KB	33042,54
	v pokladně	701,-

**VYÚČTOVÁNÍ HOSPODÁRENIA GSGM OD 1.1.2014 DO 31.12.2014 ZA SR**

<b>Zostatok k 31.12.2013</b>		<b>1323,06 EUR</b>
z toho	na účte Tatra banka	1237,18
	v pokladně	85,88

---

<b>Příjmy</b>		<b>70,00 EUR</b>
členské poplatky:		70,00

---

<b>Výdaje</b>		<b>63,94 EUR</b>
1. poplatky banke za vedenie účtu		58,64
2. obálky		5,30

---

<b>Zůstatek k 31.12.2014</b>		<b>1329,12 EUR</b>
z toho	na účte Tatra banka	1238,54
	v pokladně	90,58

Zpracovali: A. Knoll a M. Slaninová

## K osmdesátým narozeninám profesora Stanislava Zadražila

Dne 31.3.2015 oslavil osmdesáté narozeniny jeden ze zakladatelů molekulární biologie v Čechách, prof. Stanislav Zadražil. Toto životní jubileum se nám všem, kteří pana profesora známe, zdá vzhledem k jeho obrovské vitalitě, neutuchajícímu zájmu o tento obor a stálým pedagogickým aktivitám naprosto neuvěřitelné. Je v podstatě nemožné napsat o takto výjimečné osobnosti něco, co již někde v minulosti nebylo publikováno. Přesto se však pokusme alespoň ve stručnosti shrnout nejdůležitější mezníky jeho vědeckého a pedagogického působení a přínosy pro rozvoj vědeckého oboru, jehož byl a stále je neúnavným propagátorem.

Stanislav Zadražil vystudoval Matematicko-fyzikální fakultu Univerzity Karlovy v Praze, kde se v rámci oboru chemie specializoval na biochemii. Studia započal v roce, kdy Watson s Crickem zveřejnili svůj model struktury DNA (1953) a s vyznamenáním je ukončil v roce, kdy Crick formuloval ústřední dogma molekulární biologie (1958). Sám toto období označuje za stěžejní důvod toho, proč se rozhodl věnovat se ve svém vědeckém životě zejména vztahu mezi strukturou a funkcí nukleových kyselin, a to jak z biochemického, tak molekulárně-biologického a genetického hlediska. Po ukončení vysokoškolského studia na MFF krátce působil jako odborný pracovník v biochemickém oddělení Výzkumného ústavu pro farmacii a biochemii v Praze, ale brzy nastoupil jako vědecký aspirant v laboratoři prof. Zory Šormové v Oddělení metabolismu bílkovin a nukleových kyselin Ústavu chemie a biochemie ČSAV (dnes Ústav organické chemie a biochemie AV ČR). Kandidátskou práci na téma „Vliv X paprsků na jaterní RNA *in vivo*“ obhájil začátkem r. 1962.

Jeho další vědecká činnost na ÚOCHB byla zaměřena zejména na problematiku nukleosidových antimetabolitů (zejména 5-azacytidinu) a jejich vliv na strukturu DNA, dále na studium molekulárních mechanismů působení alkylačních látek na DNA u rostlin (včetně prvního důkazu toho, že u rostlin existuje reparační systém indukovaný poškozením struktury DNA), a konečně na problematiku transformace a transdukce u *Bacillus subtilis* a viru Rouseva sarkomu. Velmi důležitým obdobím jeho vědeckého života byly roky 1966 – 1967, kdy absolvoval zahraniční pobyt v laboratoři prof. Hayese v Medical Research Council – Microbial Genetics Unit v Londýně, a poté v laboratořích prof. Cricka a prof. Smithe v MRC – Laboratory of Molecular Biology v Cambridge. Během tohoto pobytu se zabýval tematikou charakterizace a rozmístění minoritních nukleosidů v tRNA, přičemž získané výsledky přispěly k prvnímu stanovení úplné pri-



primární struktury supresorové tRNA a k potvrzení mechanismu jejího působení na úrovni změněného antikodónu. Už v r. 1966 začal také působit jako externí pedagog na katedře biochemie Přírodovědecké fakulty UK v Praze, kde přednášel o biochemii a molekulární biologii nukleových kyselin a metodách jejich studia.

Když v r. 1977 došlo ke spojení tehdejšího Ústavu experimentální biologie a genetiky ČSAV s několika biochemickými laboratořemi ÚOCHB a ke vzniku Ústavu molekulární genetiky ČSAV, přestoupil do něj jako vedoucí oddělení (a od následujícího roku i zástupce ředitele ústavu) i dr. Zadražil. V rámci své vědecké činnosti se zde věnoval především biochemické a molekulárně-genetické charakterizaci fága PZA (blízkého příbuzného fágů ze skupiny  $\phi 29$  *Bacillus subtilis*) jako modelu pro restriční a sekvenační analýzu DNA. Byl také aktivním propagátorem zavádění nových technik a metod genového inženýrství, a to včetně jejich možného uplatnění v průmyslové praxi; podařilo se tak např. zavést nový biotechnologický postup pro přípravu telecího chymosinu (syřidlo) v bakteriích a kvasinkách. Ve stejné době velmi aktivně pokračoval i ve své činnosti pedagogické; kromě katedry biochemie PřF UK začal v r. 1980 přednášet i na tehdejší katedře genetiky, mikrobiologie a biofyziky PřF UK v Praze (dnes katedra genetiky a mikrobiologie), a to opět v oblastech molekulární biologie, genetiky a genového inženýrství. V r. 1985 inicioval založení společné laboratoře genových manipulací mezi ÚMG ČSAV a katedrou genetiky a mikrobiologie PřF UK v Praze. V následujícím roce byl na této katedře jmenován docentem a o rok později získal v ÚMG ČSAV titul DrSc. na základě úspěšně obhájené práce „Studie vztahu struktury a funkce nukleových kyselin“. V téže době byl zvolen členem korespondentem a zároveň členem prezidia ČSAV a byla mu také udělena státní cena za vědu. Kromě této ceny je dr. Zadražil nositelem řady dalších ocenění (v letech 1966, 1977 a 1978 získal cenu ČSAV za vědecké výsledky, v r. 1979 mu byla udělena pamětní medaile Polské akademie věd k 25. výročí Ústavu imunologie a experimentální terapie ve Wroclavi, v r. 1985 čestná stříbrná plaketa Gregora Mendela, v r. 1987 pamětní medaile ČSAV k 200. výročí narození J.E. Purkyně a stříbrná pamětní medaile Přírodovědecké fakulty Univerzity Jana Evangelisty Purkyně v Brně (nyní Masarykova univerzita), v r. 1991 cena MŠMT a pamětní medaile k 650. výročí UK).

Období bezprostředně po r. 1989 znamenalo zásadní změny nejen pro tehdejší Československo jako takové, ale i pro PřF UK v Praze a ČSAV. Doc. Zadražil v r. 1991 opustil ÚMG a na základě řádného konkursu se stal vedoucím katedry genetiky a mikrobiologie (v této funkci setrval až do r. 1998). Hned v následujícím roce byl jmenován řádným profesorem molekulární biologie, a to jako úplně první v republice. Jeho dlouholeté, bohaté a studenty dychtivě přijímané vědecko-pedagogické zkušenosti tak konečně byly po právu oceněny. Prof. Zadražil byl také jedním ze zakládajících členů koordinačního výboru pro postgraduální doktorské studium biomedicíny na UK v Praze, založeného na těsné spolupráci mezi univerzitou a mnoha vědeckými ústavy AV ČR. Od r. 1997, kdy byla podepsána dohoda mezi AV ČR a UK v Praze, je členem koordinační rady tohoto studia a předsedou oborové rady doktorského studijního programu Molekulární a buněčná biologie, genetika a virologie. Po celou dobu trvání tohoto programu funguje nejen jako předseda oborové rady, ale jako velmi aktivní člen komisí pro státní doktorské zkoušky. Uplatňuje přitom nejen své dlouholeté organizační zkušenosti, ale především svojí odbornou erudici; jeho otázky vždy studenty nutí k aktivnímu přemýšlení nad danou problematikou. I přesto, že je považován za přísného examinátora, u studentů vždy byl a je velmi oblíbený.

Kromě uvedeného doktorského studijního programu byl prof. Zadražil (a v mnoha případech stále je) členem mnoha dalších oborových a vědeckých rad, akreditačních komisí, habilitačních a jmenovacích komisí, grantových agentur, komisí pro hodnocení různých vědeckých institucí a dalších poradních sborů. Významná byla i jeho činnost v oblasti organizování vědeckých konferencí; za zmínku stojí např. sedm mezinárodních konferencí o nukleových kyselinách, uspořádaných ČSAV a podporovaných FEBS. V r. 1982 byl jedním z hlavních organizátorů vzpomínkového Mendelova symposia *Minulost, přítomnost a budoucnost genetiky*, pořádaného ve spolupráci s UNESCO a Mezinárodní genetickou federací. O svých vlastních vědeckých výsledcích velmi často přednášel na pozvání doma i v zahraničí (např. Velká Británie, Rusko, Polsko, Švýcarsko, Indie, Čína, Jugoslávie, Německo). V r. 1984 byl zvolen do výboru sekce obecné genetiky při Československé společnosti biologické. V letech 1994 – 1996 byl místopředsedou, v letech 1997 – 2009 předsedou a poté opět místopředsedou Genetické společnosti Gregora Mendela, na jejímž založení měl významný podíl. V letech 1995 – 2002 byl členem The New York Academy of Sciences a společnosti Sigma Xi (The Scientific Research Society – USA). V r. 2007 byl jmenován čestným členem Československé společnosti mikrobiologické. Nelze také opomenout jeho působení jako vedoucího redaktora časopisu *Biologické listy* (který bohužel v r. 2005 přestal vycházet). Je autorem mnoha původních vědeckých publikací stejně jako příspěvků do odborných knih, editorem několika knih o DNA vydaných u nás i v zahraničí, autorem několika patentů, učebních textů a řady popularizačních článků. Aktivně spolupracoval s hromadnými sdělovacími prostředky při přípravě různých populárně vědeckých pořadů jako autor, poradce i přímý účastník. Do češtiny přeložil první vysokoškolský učební text o molekulární biologii a mezi jeho další zásluhy patří i podíl na vytvoření české terminologie molekulární genetiky a biotechnologie.

Jak bylo řečeno již v úvodu, není možné zmínit všechno, čím profesor Zadražil přispěl k rozvoji vědního oboru, o jehož zavedení a propagaci u nás se takovou měrou zasloužil. Stejně tak nelze dostatečně vyzdvihnout jeho zásluhy na poli pedagogickém a organizačním. Těžko by se hledal člověk, který by v prof. Zadražilovi nenašel obětavého posluchače, ochotného řešit i problémy nesouvisející s jeho odbornou a pedagogickou činností. Jeho neustále dobrá nálada, rozumný přístup při řešení různých, často i komplikovaných situací a velká obětavost jsou jen několika dalšími z mnoha důvodů jeho oblíbenosti mezi spolupracovníky a kolegy, a to bez ohledu na jejich věk. Jistě nemluvíme jen za sebe, když na závěr tohoto příspěvku napíšeme: „Milý pane profesore, je nám ctí, že jsme vás mohly poznat jako odborníka, učitele, kolegu, člověka a – snad to nebude znít příliš nadneseně – i přítele. Děkujeme a přejeme vám do dalších let mnoho zdraví a uspokojení.“

Dana Holá, Marie Kočová  
Katedra genetiky a mikrobiologie  
Přírodovědecká fakulta UK v Praze

Výbor GSGM se připojuje a přeje svému bývalému dlouholetému předsedovi prof. Zadražilovi hodně zdraví a životního elánu do dalších let.

V pátek, dne 29.5.2015, Genetická společnost Gregora Mendela zorganizovala v Mendelově muzeu v Brně jednodenní česko-slovenský seminář na téma *Univerzitní vzdělávání genetiky 150 let po Mendelovi*. Cílem semináře bylo porovnat studijní programy univerzit v Čechách a na Slovensku, navzájem se inspirovat v otázkách obsahu a formy výuky, hledat možnosti reálné spolupráce, poučit se ze zkušeností zahraničních vzdělávacích institucí a diskutovat o tom, zda a jak modifikovat vzdělávání nové generace genetiků. V následujících dvou příspěvcích přinášíme ohlasy na tuto akci z pera jeho dvou účastnic.

### Vzdělávání v genetice

#### Zuzana Hanzelková

Ústav experimentální biologie, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita

*„Jak se vyučuje genetika u nás, jak na Slovensku a jak na to jdou jiné zahraniční univerzity? Jsou některé z jejich modelů použitelné i pro naše podmínky? A jakým způsobem si můžeme ve výuce genetiky pomáhat na česko-slovenské úrovni?“* To je jen pár příkladů otázek, na které se dne 29. května 2015 snažili najít odpovědi zástupci českých a slovenských univerzit na semináři s názvem „Univerzitné vzdelávanie genetiky 150 rokov po Mendelovi“, pořádaném Genetickou společností Gregora Mendela ve spolupráci s Mendelovým muzeem Masarykovy Univerzity. Jak již název vypovídá, seminář se konal právě v roce, ve kterém si připomínáme výročí významných Mendelových objevů a ani místo, kde se seminář konal, nebylo vybráno náhodou. Mendelovo muzeum se totiž nachází přímo v prostorách Augustiniánského kláštera, kde Mendel své epochální experimenty prováděl.



*Seminář o vzdělávání v genetice zahájil ředitel Mendelova muzea MU Mgr. Ondřej Dostál, Ph.D.*

Informační listy GSGM, 2015, 45: 7-9

Jednodenní seminář byl rozdělen na dvě části – dopolední sekce byla věnována především aktuálním podmínkám, za kterých se genetika u nás a na Slovensku nyní vyučuje. V odpolední sekci se jednotliví přednášející věnovali novinkám ve studijních oborech, které se jim povedlo na svých školách zavést, představili rovněž pravidla pro tvorbu studijních plánů na daných univerzitách či se věnovali představení moderních technologií, které v konkrétní výuce využívají. Tato část byla dále věnována srovnání výuky genetiky na zahraničních, především západních univerzitách, a také uvedením případných zajímavostí, které by byly využitelné i v našich podmínkách. Ukazuje se, že ani zahraniční univerzity neuplatňují např. jednotný model výuky a tvorby studijních plánů. Některé univerzity jsou ke svým studentům velmi benevolentní a umožňují jim sestavit si téměř libovolný studijní plán, jiné velkou volbu studijních předmětů neposkytují a plány vytvářejí samy poměrně striktně. V čem se ale většinou shodnou, je propojenost teoretických znalostí s praxí, a to i mimo univerzitu. Vzhledem k různorodosti jednotlivých témat a množství podnětů byla každá sekce zakončena panelovou diskuzí k prezentovaným novinkám.



*Možnosti výuky genetiky na PŘF MU představil prof. Jiří Doškař, CSc.*

Možností a potenciálu, které dnešní genetika jako věda skýtá, je nepřeborné množství. Zvolit však, jakým způsobem, a jaké množství předávat dále studentům je nelehký úkol. Podobná setkání nám umožňují předávat si poznatky a praktické zkušenosti, které jsou pro takto rychle se rozvíjející obor a jeho výuku nezbytné. Každý účastník tohoto setkání si bezpochyby odnesl spoustu inspirace a obohacení a věříme, že i Gregor Mendel by byl hrdý na to, jakým způsobem se naši studenti o genetice učí a jaké mají možnosti nabyté znalosti následně využívat v praxi.





*Nové způsoby výuky genetiky na Univerzitě Komenského v Bratislavě po aktuální akreditaci představil i prof. RNDr. Ľubomír Tomáška, DrSc.*



**Mgr. Zuzana Hanzelková** (email: [hanzelkova@sci.muni.cz](mailto:hanzelkova@sci.muni.cz)) vystudovala obor Molekulární biologie a genetiky na Ústavu experimentální biologie PřF MU a na tomto pracovišti je nyní manažerkou PR a komunikace. Sama se aktivně věnuje popularizaci vědy široké veřejnosti nejen v rámci univerzity, ale i nově vzniklého brněnského science centra VIDA!.

**Seminár o univerzitnom vzdelávaní genetiky plný inšpirácií  
(29. máj 2015, Brno)**

**Lucia Zeiselová**

Katedra genetiky, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Komenského v Bratislave

V roku 1865 predstavil Gregor Johann Mendel po prvýkrát výsledky svojho výskumu, na ktorom pracoval viac než desaťročie v záhradách brnianskeho Augustiniánskeho opátstva. Členovia Prírodovedeckého spolku v Brne tak mali ako prví unikátnu možnosť zoznámiť sa s jeho revolučnými myšlienkami. Tie sa neskôr stali základom novej biologickej disciplíny, genetiky.

Od spomínanej prednášky ubehlo 150 rokov. Dnes už nikto nepochybuje o existencii dedičných faktorov – génov, a ani o platnosti pravidiel dedičnosti odvodených z výsledkov prác na hrachu siatom. Genetika je platným hráčom 21. storočia, vyučuje sa už na základných a stredných školách, budúci biológovia sa s ňou detailnejšie stretávajú počas svojho vysokoškolského štúdia. Vzrast v objeme odborných publikácií a technologický rozvoj však mení pohľad aj na súčasné osnovy výučby genetiky. Ich aktuálnosť, porovnanie študijných programov univerzít v Čechách a na Slovensku či možné zmeny do budúcnosti, aj to boli témy seminára s názvom Univerzitné vzdelávanie genetiky 150 rokov po Mendelovi, ktoré sa konalo pod záštitou Genetickej spoločnosti Gregora Mendela a Mendelovho múzea v Brne s podporou MGP Zlín 29. mája 2015 v priestoroch brnianskeho Augustiniánskeho opátstva, teda v priestoroch, kde sa história tejto disciplíny začala písať.

Akcia sa niesla v neformálnom duchu tzv. „ne-konferencie“, čo podporovalo výmenu informácií a názorov počas prestávok a v samotných diskusiách. Po otvorení seminára riaditeľom Mendelovho múzea dr. Ondřejom Dostálom, zástupcovia českých a slovenských univerzít (Masarykova univerzita, Brno; Univerzita Karlova, Praha; Ostravská univerzita, Ostrava; Jihočeská univerzita, České Budějovice; Univerzita P. J. Šafárika, Košice; Univerzita Komenského, Bratislava) predstavili v rámci prvej sekcie formou prezentácií svoje aktuálne študijné programy zamerané na vzdelávanie genetiky vrátane ich náplne, cieľov a proporcií prednáškových, seminárových a praktických kurzov v oboch stupňoch štúdia.

Náplň základného kurzu genetiky v bakalárskom stupni je viacmenej rovnaká na všetkých zúčastnených univerzitách. Študenti sa oboznamujú s históriou genetiky, zákonitostami dedičnosti a premenlivosti, dedičnosťou viazanou na pohlavie, génovými interakciami a genetickou analýzou, mimojadrovou dedičnosťou, genetikou populácií, genetikou kvantitatívnych znakov, mutagenézou, štruktúrou chromozómu, bunkovým cyklom či s expresiou genetickej informácie a jej reguláciou. Jednotlivé univerzity sa však vo svojich študijných programoch líšia pomerom povinných, povinne voliteľných a voliteľných predmetov. V tomto smere je najliberálnejšou Univerzita Karlova v Prahe, kde si každý študent vytvára vlastný študijný plán, pričom v magisterskom stupni si po-

vinne zapisuje iba predmety Diplomový projekt I a II a dva odborné semináre. Jednoznačne najpoužívanejšou učebnicou je Genetika – český preklad anglického originálu *Principles of Genetics* od Snustada a Simmonsa z roku 2009, za ktorý vďačíme našim brnianskym kolegom. Záujem študentov o históriu genetiky a o príbehy ľudí, podieľajúcich sa na odhaľovaní záhad dedičnosti, môže vzbudiť kniha Klasické experimenty v genetike od kolektívu autorov z Univerzity Komenského v Bratislave (recenzia v tomto čísle Informačných listov – str. 29). Knižka bola publikovaná tento rok pri príležitosti spomínaného 150. výročia aj vďaka podpore Genetickej spoločnosti Gregora Mendela. Prof. Jiří Doškař z Masarykovej univerzity účastníkom predstavil elektronické skriptá k Praktiku z obcej genetiky, ktorých autorom je dr. Pavel Lízal. Okrem obvyklého študijného materiálu obsahujú odkazy na ďalšie užitočné zdroje na webe či príklady určené na otestovanie znalostí. Dr. Lízal zároveň uviedol možnosť ako inovatívne podporiť interakciu študentov s učiteľom. Online systémom *Socratic* môže pedagóg prostredníctvom hlasovania/kvízov monitorovať pozornosť a pokrok študentov v reálnom čase priamo počas výučby.

Univerzity sú otvorené vzájomnej spolupráci, či už pri výmene materiálov na cvičenia alebo pri príprave unikátnych kurzov, na ktorých by sa podieľali pedagógovia z viacerých pracovísk. Dr. Magda Zrzavá uviedla ako príklad spoluprácu Prírodovedeckej fakulty Jihočeskej univerzity s Johannes Kepler University v Linzi pri realizácii študijného odboru *Biological Chemistry*.

V rámci druhej sekcie predstavil Mgr. Roman Šolc z Univerzity Karlovej v Prahe nevšedný výskum zameraný na zistenie spôsobov a efektívnosti vyučovania bunkovej biológie a genetiky na stredných školách. Pilotné výsledky zatiaľ naznačujú, že znalosti študentov sú v rámci rokov 2011 – 2014 konštantné a na vlastné znalosti majú skôr realistický pohľad. Mgr. Aneta Mikulášová uviedla, že študenti odboru Molekulárna biológia a genetika na Masarykovej univerzite získavajú poznatky uplatniteľné vo výskume aj v praxi.

Kolektív doktorandov z Univerzity Komenského v Bratislave zastúpený Mgr. Katarínou Juríkovou na základe analýzy silných a slabých stránok súčasného genetického kurikula a analýzy programov vybraných amerických i európskych univerzít navrhol jeho „ideálnu“ verziu. V budúcnosti by sa mohol klásť väčší dôraz na prepojenie s praxou (študentom Univerzity P.J. Šafárika je už v súčasnosti k dispozícii dvojtyždňová stáž vo farmaceutickej spoločnosti) a na predmety rozvíjajúce mimoodborové zručnosti, tzv. *soft skills* (prezentácie prác, tímová spolupráca, tvorba posterov, písanie grantov a vedeckých článkov, kritické myslenie...). Všetci prezentujúci doktorandi (Univerzita Komenského, Masarykova univerzita, Univerzita Karlova) sa zhodli v nevyhnutnosti podporovať budúcich genetikov v anglickej komunikácii, či už jej aktívnym využívaním na vybraných predmetoch alebo prostredníctvom zapájania sa do zahraničných mobilit. Dostupnosť nových metód a zvyšujúci sa objem dát mení nielen prístup k štúdiu biologických otázok, ale aj požiadavky na zručnosti, ktoré by mal genetik ovládať. Prezentované „ideálne“ kurikulum berie do úvahy aj tento fakt, čomu zodpovedá zaradenie predmetov Bioštatistika a Bioinformatika. Doc. Broňa Brejová z Fakulty matematiky, fyziky a informatiky Univerzity Komenského v Bratislave rozdelila informatické schopnosti do piatich základných okruhov. Okrem všeobecných pokročilých používateľských zručností (príprava odborných dokumentov, práca s odbornou literatúrou, excel, organizácia dát) je nutné, aby budúci genetik vedel používať konkrétne bioinformatické nástroje/databázy a vedel si zvoliť správny nástroj na riešenie

daného problému. Porozumenie matematickým modelom a inforatickým metódam, ktoré stoja za jednotlivými nástrojmi, môže prispieť nielen k pochopeniu obmedzení týchto nástrojov, ale aj k správnej interpretácii výsledkov.

Všetkým organizátorom patrí vďaka za poskytnutie priestoru pre hľadanie silných a slabých stránok študijných programov zameraných na genetiku vyučovaných v Čechách a na Slovensku, pre hľadanie možnosti medziuniverzitnej spolupráce, a za príjemný deň plný inšpiratívnych myšlienok a nápadov, ktoré majú potenciál uplatniť sa pri vzdelávaní budúcej generácie genetikov.

Užitočné odkazy:

Web stránka seminára s programom a pdf verziami prezentácií:

<http://fns.uniba.sk/pracoviska/biologicka-sekcia/kge/univerzitne-vzdelavanie-genetiky/>

Informácie o knihe Klasické experimenty v genetike:

[http://fns.uniba.sk/klasicke\\_experimenty/](http://fns.uniba.sk/klasicke_experimenty/)

Elektronické skriptá – Praktikum z obecné genetiky: <http://bit.ly/1HwbzS8>

*Socrative*: <http://www.socrative.com/index.php>



**Mgr. Lucia Zeiselová** (e-mail: [zeiselova@fns.uniba.sk](mailto:zeiselova@fns.uniba.sk)) je doktorandka Katedry genetiky Prírodovedeckej fakulty Univerzity Komenského v Bratislave. Projekt dizertačnej práce vypracováva v Laboratóriu funkčnej a komparatívnej genomiky eukaryotických organel, ktoré je spoločným pracoviskom katedier biochémie a genetiky PrF UK.

## Centrum Mendelianum inaugurováno

**Eva Matalová**

Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i., Veverčí 97, 602 00 Brno

Před 150 lety se v Brně začala psát historie genetiky. Mendel zveřejnil výsledky svých pokusů s hybridy rostlin nejprve formou dvoudílné přednášky pro Přírodovědecký spolek dne 8. 2. a 8. 3. 1865 na tehdejší reálce na Jánské ulici v Brně. V časopise téhož spolku pak byla Mendelova práce vydána formou odborného článku v roce 1866 a rozeslána více než stovce institucí po celém světě. Přírodovědecký spolek vznikl z mateřské Hospodářské společnosti (Ackerbaugesellschaft) považované za tehdejší moravskou vědeckou akademii. Na půdě této společnosti Mendel dlouhodobě aktivně působil a její odborné kolegium formovalo jeho vědecké názory. Přímým pokračovatelem muzea Mendelovy Hospodářské společnosti je dnešní Moravské zemské muzeum, které v roce 1962 založilo Genetické oddělení Gregora Mendela. Toto oddělení pak vybudovalo Mendelianum, památník a muzeum J. G. Mendela, lokalizované v klášteře na Starém Brně a otevřené v roce 1965.

K těmto významným výročím konsolidovalo Mendelianum Moravského zemského muzea svoji padesátiletou kontinuální vědecko-výzkumnou, vzdělávací a popularizační činnost a spolupráci s řadou brněnských, dalších tuzemských i zahraničních institucí pod integrovanou základnu CENTRUM MENDELIANUM.

Centrum Mendelianum je vybudováno na třech nosných pilířích:

### 1) Mendelovo vědecké centrum

věda a tradice

### 2) Mendelovo návštěvnické centrum

propagace a popularizace

### 3) Mendelova interaktivní škola

vzdělávání a motivace



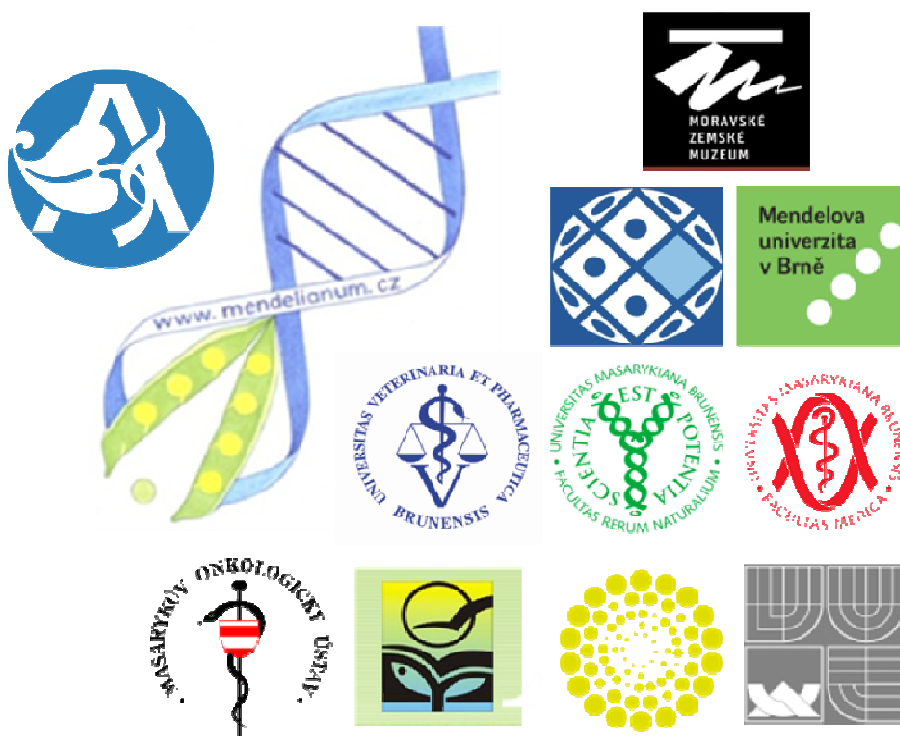
Centrum Mendelianum je lokalizováno v autentických prostorech Mendelovy vědecké společnosti v Biskupském muzejním dvoře v srdci Brna.

Informační listy GSGM, 2015, 45: 13-14

## Jubileum „50“ (1962-2012, 1965-2015)

- ✓ **1962:** založení Genetického oddělení Gregora Mendela v rámci Moravského muzea
- ✓ **1965:** 100 let od zveřejnění Mendelovy přednášky, otevření Mendeliana založeného Genetickým oddělením G. Mendela
- ✓ **2012:** 50 let kontinuální systematické činnosti v oblasti výzkumu a propagace Mendelova vědeckého a kulturního odkazu u nás i na mezinárodní úrovni, založení Centra Mendelianum a jeho konsolidace
- ✓ **2015:** 150 let od zveřejnění Mendelovy přednášky, slavnostní inaugurace Centra Mendelianum s mezinárodní účastí (8. 3. 2015)

Mendelianum má jasnou koncepci a představuje unikátní centrum s pevnými historickými kořeny, které integruje aspekty vědecké, vzdělávací a popularizační. Centrum Mendelianum pracuje pod záštitou Akademie věd České republiky. Na mezinárodní úrovni je Centrum Mendelianum zaštitěno Advisory Board, jejímž předsedou je prof. J. Klein z Pennsylvania University v USA. Autoři koncepce (A. Matalová, E. Matalová) děkují za podporu a spolupráci všem členům Mendel Team a dalším spolupracovníkům z celého světa.



*Brněnská pracoviště integrovaná v Centru Mendelianum pod záštitou AV ČR*

## Jubilejní MENDEL FORUM 2015

### Eva Matalová

Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i., Veverí 97, 602 00 Brno

Mendel Forum 2015 se konalo u příležitosti připomenutí 150 let od zveřejnění Mendelova objevu ve formě přednášky v Brně, která se stala základem genetiky. Důležitým výročím letošního roku je také 50 let od otevření první expozice Mendeliana, které se kontinuálně věnuje výzkumu, rozvoji a propagaci Mendelova kulturního a vědeckého odkazu již přes půl století. K těmto významným výročím připravilo Mendelianum se svými partnery a spolupracovníky také slavnostní inauguraci Centra Mendelianum.

Klíčovou akcí Mendel Forum 2015 byl Weekend with J. G. Mendel, který probíhal od 6. do 8. března 2015 v Historickém sále Mendeliana Moravského zemského muzea v Biskupském dvoře. Vzhledem k velkému zájmu o tuto akci byl limit přednáškového sálu brzy zcela zaplněn. Ze zahraničních hostů se přihlásili zejména účastníci z USA, Japonska, Indie, z evropských zemí zástupci Rakouska, Německa, Švýcarska, Velké Británie a Francie. Účastníci z ČR představovali jak experty, tak studenti, ale i zájemci z řad širší veřejnosti. Inaugurace Centra Mendelianum se navíc zúčastnila řada osobností z vědecké, kulturní a politické obce. Významným přednášejícím byl profesor J. Klein z USA, dlouholetý spolupracovník Mendeliana, znalec života a díla J. G. Mendela a autor nové expertní knihy o JGM, jejíž překlad do češtiny chystá MZM v letošním roce. Z USA přiletěl také profesor V. Soyfer, který se dlouhodobě zabývá aspekty vědy a politické moci a je autorem řady odborných publikací týkajících se mendelismu „za železnou oponou“. Dalším odborníkem z USA byl děkan pro vědu, Dr. D. Fairbanks, který pohovořil na téma Mendel, biostatistika a kontroverze s Fisherem. Z amerických účastníků zmiňme ještě profesora Roberta Karna a Dr. Christinu Laukaitis, která uvedla aktuální aplikace Mendelových principů v biomedicíně.

### Weekend with J. G. Mendel - programme

#### **FRIDAY, MARCH 6, 2015**

3 pm: Round Table Mendel Team Discussion (*Mendel Team Members*)

4 pm: **Mendel's plants** (I. Kubištová)

*Commented opening of a new exhibition*

#### **SATURDAY, MARCH 7, 2015**

9:30 – 10 am: **Mendel – a multifaceted personality and a scientist in the controversy** (A. Matalová)

10 – 10:30 am: **Mendel and Darwin** (J. Sekerák)

Informační listy GSGM, 2015, 45: 13-19

11:00 – 11:45 am: **N. Vavilov and T. Lysenko: Initial support and final tragedy. Who is responsible?** (V. Soyfer, USA)

11:45 – 12:15 am: **N. I. Vavilov, J. G. Mendel and J. Lužný** (P. Salaš/A. Salašová)

1:30 – 2 pm: **Mendel and his scientific colleagues in Brno** (A. Matalová)

2 – 2:30 pm: **When time was ripe: On the “re-discovery” of Gregor Mendel’s work** (J. Vollmann/H. Grausgruber, Austria)

2:30 – 3 pm: **Mendelian genetics: a historical perspective and a glimpse into the future** (C. M. Laukaitis, USA)

3:30 – 3:50 pm: **Ending the Mendel-Fisher controversy** (D.J. Fairbanks/B. Palais, A.D. Fairbanks, USA)

3:50 – 4:10 pm: **Mendel and bioinformatics** (P. Ošmera)

4:10 – 4:30 pm: **From domestication to Mendel or from Mendel to domestication?** (P. Hořín)

5 pm: **Mendel’s footsteps in Brno** (E. Matalová)

*A walk through Mendel’s Brno*

### **SUNDAY, MARCH 8, 2015**

9 – 9:30 am: **150 years ago ... Brno in Mendel’s time** (P. Kroupa)

9:30 – 10:30 am: **Echoes of March 8, 1865** (J. Klein, USA)

11 am – onwards: **Inauguration of Centrum Mendelianum**

\*Opening Address (M. Reissner et al.)

\*Concept of the Centre (E. Matalová)

\*Solitude of a Humble Genius (J. Klein, USA)

### **Guided tours in the Centre, exhibition viewing, discussion**



Sborník konference vyšel pod ISBN 978-80-263-0894-2.

Na mezinárodní akci Weekend with J. G. Mendel navazoval Týden s J. G. Mendelem pro širokou veřejnost.

### **Týden s J. G. Mendelem 6. – 12. března 2015:**

**6. 3. 2015, 16:00 Mendelovy rostliny** – komentovaná prohlídka nové výstavy

**7. 3. 2015, 17:00 J. G. Mendel** - Po stopách Mendela v Brně – interaktivní program a procházka místy spojenými s působením JGM v historické části města Brna

**8. 3. 2015, 11:00 Centrum Mendelianum** – slavnostní otevření Centra Mendelianum jako komplexního zázemí pro vědu, výzkum, popularizaci a vzdělávání

**9. 3. 2015, Mendel a jeho objev** - Jak a na co vlastně Mendel přišel?

10:00 – program pro školy, 16:00 – program pro veřejnost



**10. 3. 2015, Mendel a genetická informace - Jak fungují geny?**

10:00 – program pro školy, 16:00 – program pro veřejnost

**11. 3. 2015, Mendel a jeho myšlenky stále aktuální - Mendel, Nobel a genetické příběhy**

10:00 program pro školy, 16:00 – program pro veřejnost

**12. 3. 2015, Mendel – stálá výzva - Mendel v černé skříňce**

10:00 – program pro školy, 16:00 – program pro veřejnost

Účast na všech akcích Mendel Forum 2015 byla zdarma díky podpoře projektu Mendelova interaktivní škola genetiky. Tento projekt je financován z Evropského sociálního fondu a státního rozpočtu ČR a je evidován pod číslem CZ.1.07/2.3.00/45.0037.

*Mendelova interaktivní škola genetiky*

[www.mendel-brno.cz](http://www.mendel-brno.cz)



evropský  
sociální  
fond v ČR



EVROPSKÁ UNIE



MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ,  
MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY



OP Vzdělávání  
pro konkurenceschopnost

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Projekt je financován z Evropského sociálního fondu a státního rozpočtu České republiky.



*Weekend with JGM –zahájil generální ředitel MZM Dr. Martin Reissner*



*Weekend with JGM - Round Table Discussion, Mendel Expert Team*



*Weekend with JGM – pohled do auditoria v Historickém sále Mendeliana*



*Weekend with JGM – posterová sekce ve foyer Dietrichsteinského paláce*



**Prof. RNDr. Eva Matalová, Ph.D.** (e-mail: [matalova@iach.cz](mailto:matalova@iach.cz)) je vědeckou pracovnící Ústavu živočišné fyziologie a genetiky Akademie věd ČR, v.v.i., profesorkou na Fakultě veterinárního lékařství VFU Brno a dlouholetou spolupracovnicí Mendeliana MZM Brno. Aktuálně je odbornou garantkou projektu Mendelianum – atraktivní svět genetiky a Mendelova interaktivní škola genetiky.

## Simon Mawer v Mendelianu

### Marcela Kusáková

Univerzita Tomáše Bati, nám T.G. Masaryka 5555, 760 01 Zlín



8. února 2015, u příležitosti připomenutí 150 let ode dne první části Mendelovy přednášky, uspořádalo Mendelianum besedu se Simonem Mawerem. Beseda se konala přímo v Zasedacím sále Mendelovy vědecké společnosti a byla zakončena autogramiádou. Simon Mawer je spisovatel, který je spjat s Brnem díky knihám *Skleněný pokoj* a *Mendelův trpaslík*. *Skleněný pokoj* byl zpracován Městským divadlem v Brně a je v letošním roce uváděn. Inscenace se setkala s pozitivním ohlasem jak u autora knihy, tak diváků a kritiků. Inspiraci pro napsání *Mendelova trpaslíka* získal S. Mawer při návštěvě Mendeliana Moravského zemského muzea, které je zmíněno i v knize, ale také Hynčic, kde se Mendel narodil a

vyrůstal. Hlavní osa románu využívá hlavního hrdiny coby prapraprapotomka Mendelovy sestry postiženého achondroplázií a pracujícího v moderním genetickém výzkumu. Tento román je fikcí, S. Mawer je však také autorem knihy *Planting the Seeds of Genetics*. Je zřejmé, že se autor nejdříve pečlivě seznámil s fakty, která vhodně prolíná s románovým příběhem. *Mendelův trpaslík* je často označován jako genetický thriller a stal se nejpopulárnější evropskou knihou týkající se Mendela přeloženou do češtiny.

Simon Mawer získal biologické vzdělání na oxfordské univerzitě během své učitelské profesní dráhy, které se však již dále nevěnuje. Nyní žije se svou rodinou v Itálii a je autorem celé řady dalších knih. Po besedě si Simon Mawer prohlédl celé návštěvnické centrum Mendelianum – Atraktivní svět genetiky: „The new-look Mendelianum, is certainly an impressive development. It will, I am sure, be significant in bringing genetics to the attention of many young Czechs. As an ex-teacher, I can see how useful such a facility would be.“



8 Feb 2015  
mendelův trpaslík  
**SIMON MAWER**

With best wishes

Simon Mawer



*Beseda se Simonem Mawerem v Mendelianu – pohled do auditoria, spisovatel s překladatelkou, autogramiáda a titulní list knihy Mendelův trpaslík s podpisem autora.*



Mgr. Marcela Kusáková (e-mail: [kusakova@knihovna.utb.cz](mailto:kusakova@knihovna.utb.cz)) působila jako kurátor v Mendelianu MZM Brno, kde se také věnovala výzkumu v rámci své diplomové práce. Aktuálně pracuje v knihovně Univerzity Tomáše Bati ve Zlíně.

## **Škola, kde Mendel zveřejnil svůj objev – vernisáž výstavy**

### **Anna Matalová**

Mendelianum, Moravské zemské muzeum, Zelný trh 6, 659 37 Brno

V letošním roce se v souvislosti s připomenutím 150 let od Mendelovy přednášky upřela pozornost i na místo, kde byla realizována. Vyšší státní reálka na Jánské ulici v Brně vznikla na podporu výuky přírodovědných a technických oborů. Cílem byla příprava společnosti na intenzivní rozvoj průmyslu. Na reálce se sešli někteří mimořádně vzdělaní vysokoškolští profesori tehdejší monarchie, kteří byli za své postoje v revolučním roce 1848 degradováni na středoškolské kantory.

Mendel byl zaměstnancem vyšší státní reálky od roku 1854. Také on podlehl roku 1848 snu o svobodě a podepsal petici šesti augustiniánů říšskému sněmu. Na reálce Mendel působil 14 let a odešel až v důsledku svého zvolení opatem. Pro novou reálku na Jánské ulici mu navrhli výuku přírodopisu a fyziky a také funkci třídního učitele v prvních dvou ročnících ve třídách s 60 až 120 žáky. Své nadání pro výuku Mendel prokázal při suplování na znojenském gymnáziu. Také hodnocení jeho suplenty na Technickém učilišti v Brně bylo velmi pochvalné.

Ředitel reálky, Josef Auspitz, poskytl ve své škole prostor pro činnost brněnského Přírodokumného spolku, který kladl důraz na experiment, ověřování pokusů a materiální dokladování teoretických závěrů. Spolek vytvářel s učiteli mineralogické, geologické, botanické, entomologické a zoologické sbírky pro názornou výuku. Spolek úzce spolupracoval s Hospodářskou společností, jako svou mateřskou organizací, jež sídlila v zemském muzeu, které založila v roce 1817. Dnešní Moravské zemské muzeum, které jako první muzeum na světě zařadilo do svého výzkumného programu genetiku, je přímým pokračovatelem tohoto muzea.

Na únorovém a březnovém zasedání Přírodokumného spolku v roce 1865 zazněla Mendelova přednáška, která o rok později vyšla v časopise tohoto spolku a dostala se do celého světa. Zatímco v Brně byla přednáška oceněna několikerým uznáním, ve světě si musela Mendelova práce počkat na uznání ještě několik desetiletí. Výstava představuje Mendela jako studenta, učitele a člena Přírodokumného spolku a přibližuje jeho vědecký objev dnešním studentům. Mendelianum děkuje za možnost instalace výstavy na Střední škole potravinářské, obchodu a služeb, která aktuálně v Mendelově reálce sídlí.

Vernisáž výstavy proběhla 8. 2. 2015 za účasti stovky hostů, zástupců médií a široké veřejnosti. Bonusem vernisáže byla možnost nahlédnout do originálu třídní knihy z tehdejší reálky s Mendelovými zápisy, vč. poznámky o nezbedných žácích.



*Vernisáž výstavy na Jánské – zahájení, komentovaná prohlídka výstavy a budovy školy, třídní kniha s Mendelovými zápisy.*



**PhDr. Anna Matalová** je dlouholetou pracovnící Mendeliana Moravského zemského muzea v Brně (do odchodu do důchodu působila jako vedoucí). Aktuálně je hlavním odborným konzultantem projektu Mendelianum – atraktivní svět genetiky a koordinátorkou projektu Mendelova interaktivní škola genetiky.

## **Terasa Mendelových rostlin otevřena**

**Iva Kubištová**

Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i., Veveří 97, 602 00 Brno

Mendelianum prezentovalo Mendelovy rostliny již od svého vzniku v roce 1965. O Mendelovu zahrádku na Starém Brně pečovalo Mendelianum vzorně až do nuceného odchodu ze starobrněnského kláštera v roce 2000. V zahrádce Mendeliana bylo také umístěno atraktivní schéma Mendelova klíčového experimentu zobrazené s využitím živých rostlin. Pohlednice unikátní Mendelovy zahrádky prezentované Mendelianem obletěla svět, odvážela si ji s sebou většina početných zahraničních návštěvníků. Mendelova zahrádka Mendeliana MZM se stala natolik populární, že ji někteří povrchní badatelé dodnes považují za Mendelovu experimentální zahradu.



I ve svém přechodném sídle, v budově ombudsmana na Obilním trhu, pokračovalo Mendelianum ve výstavní a výzkumné činnosti v oblasti Mendelových rostlin a v jejich prezentaci v přilehlé zahrádce založené Mendelianem MZM pod názvem *Plantae Mendeliana*.

*Plantae Mendeliana* jsou nyní součástí expozic našeho nového návštěvnického centra, k němuž patří i letní terasa. Ta byla doplněna výstavou Mendelovy rostliny, jejímiž autory jsou Dr. Anna Matalová a Dr. Iva Kubištová. Výstava je věnována profesorovi Ivo Cetlovi, jehož seznam rostlin publikovaný v doslovu knihy *Pokusy s hybridy rostlin* (©ISBN 978-808-702-8025) se stal inspirací pro tuto expozici. Výstava je členěna do logických celků, které představují jednak Mendelovy experimentální rostliny, ale také rostliny, o kterých se zmiňuje ve své korespondenci, nebo kterými se chystal zabývat. Průběžně jsou na terase vysévány nebo vysazovány živé rostliny, výstava je doplněna kvízem a její součástí jsou také kresby a fotografie, které zvítězily v loňské soutěži pro veřejnost.

Informační listy *GSGM*, 2015, 45: 24-25



Terasa Mendelových rostlin byla slavnostně otevřena 6. 3. 2015 a bude přístupná v otevírací době návštěvnického centra Mendelianum od jara do podzimu.

Poděkování za zpracování projektu dekorativního doplnění výstavy v rámci Terasy Mendelových rostlin patří Mendeleu Mendelovy univerzity, Ing. Jiřímu Martínkovi, Ph.D. a jeho studentům Bc. Dusové, Bc. Junkové a Bc. Vrbasovi.

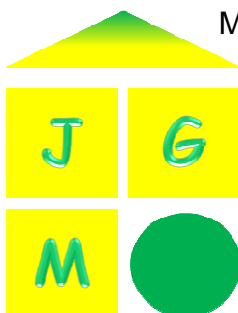


*Pohled na externí expozici výstavy před vernisáží, záběry z vernisáže a architektonický návrh Terasy Mendelových rostlin.*

### **Junior Mendel Forum 2015 – pozvánka**

**Iva Kubištová**

Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i., Veverčí 97, 602 00 Brno



Mendelova interaktivní škola genetiky si dovoluje pozvat na další ročník konference Junior Mendel Forum 2015. Tyto konference rozšiřují tradiční formát Mendel Forum o speciální program pro střední školy a mladé zájemce o VaV. Letošní týdenní program (8. – 12. 6.) nabízí interaktivní semináře formou workshopu přímo na středních školách, program v laboratořích Centra Mendelianum, ale také výstavu, na jejíž přípravě se podíleli i sami studenti. Registrace zdarma je otevřena na [www.mendel-brno.cz](http://www.mendel-brno.cz)

Informační listy GSGM, 2015, 45: 25-26

Junior Mendel Forum 2015 – program:

**8. 6. 2015, 13:00 – 15:00**

Geny a buňky – od proliferace po apoptózu (Gymnázium Tišnov) – diskusní program (workshop)

**9. 6. 2015, 10:00 – 12:00**

Jak fungují geny (Centrum Mendelianum) – interaktivní program v laboratořích  
Geny ve zdraví a nemoci – prenatální diagnostika (BIGY Brno) - diskusní program (workshop)

**10. 6. 2015, 10:00 – 12:00**

Genetika hrou (Centrum Mendelianum) – interaktivní program pro začátečníky i pokročilé. Proč a jak vznikají nádory – veterinární diagnostika (SŠ Boskovice) - diskusní program (workshop)

**15:00 – 17:00**

Genetika z očí do očí (Centrum Mendelianum) – nová výstava, soutěž, interaktivní program

**11. 6. 2015, 10:00 – 12:00**

Jak fungují buňky (Centrum Mendelianum) – interaktivní program v laboratořích  
Co prozradí krev – humánní diagnostika (Gymnázium Kpt. Jaroše) - diskusní program (workshop)

**12. 6. 2015, 10:00 – 12:00**

Příběhy rakoviny (SPŠCH Brno) - diskusní program (workshop)



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

CZ.1.07/2.3.00/45.0037

Projekt je financován z Evropského sociálního fondu a státního rozpočtu ČR.



**RNDr. Iva Kubištová, Ph.D.** působí jako pedagogická pracovnice na gymnáziu na třídě Kpt. Jaroše v Brně. Aktuálně spolupracuje s Mendelianem MZM Brno na projektu Mendelianum - atraktivní svět genetiky a na Ústavu živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i. je hlavní manažerkou projektu Mendelova interaktivní škola genetiky (e-mail: kubistova@jaroska.cz).

## Léto s vědou v Mendelově Brně - pozvánka

Eva Janečková

Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i., Veverí 97, 602 00 Brno



V letošním jubilejním roce nabízí Mendelianum se svými partnery a spolupracovníky řadu dalších akcí pod hlavičkou Léto s vědou v Mendelově Brně, které budou symbolicky zahájeny na první letní den. Program otevře výstava **Brno v Mendelově době** připravená ve spolupráci s Národním památkovým ústavem, která nabídne unikátní pohled na Brno v době, kdy v něm Mendel působil. Výstava představí také Mendelovo Brno v dnešní době a nasměruje na stezku po stopách JGM. Na letní čas jsou také připraveny **Prázdninové středy s genetikou** s bohatým programem, v červenci opět proběhne **Mendelův víkend** u příležitosti připomenutí jeho narození. Srpen zahrnuje především týdenní **Mendelovu letní školu**, v září se Mendelianum znovu zúčastní **Festivalu vědy**. Z letních výstav se můžete těšit na **Mendelovo brněnské vědecké kolegium**, kde budou předsta-

veny osobnosti, se kterým byl Mendel v odborném kontaktu, a působily na jeho vědecké názory. O prázdninách slaví Mendelianum **50 let od otevření** a ke svému jubileu připravilo další překvapení. Léto s vědou v Mendelově Brně probíhá v Centru Mendelianum, tedy v autentických prostorech Mendelovy vědecké společnosti. Bližší informace jsou průběžně dostupné na [www.mendelianum.cz](http://www.mendelianum.cz)

## Odpoledne s DNA 2015

### Eva Janečková

Ústav živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i., Veverí 97, 602 00 Brno



Letošní Odpoledne s DNA probíhalo v jubilejním Mendelově roce v rozšířené podobě (23. – 25. dubna). První den byl věnován připomenutí vědecké práce J. G. Mendela v kontextu dnešních poznatků přímo na pracovišti vědy a výzkumu v laboratořích Ústavu živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i. Tato část programu byla určena zejména pro studenty vysokých škol. Pro středoškoláky a zájemce o VaV z řad veřejnosti byly následující den nabídnuty komentované prohlídky buněčného jádra s využitím 3D modelů a animací v novém návštěvnickém centru Mendelianum – Atraktivní svět genetiky. Akce byla doplněna o interaktivní program jak v Mendelově, tak moderní molekulárně-biologické laboratoři. Přímou na Den DNA, který letos vycházel na sobotu, byly pro všechny zájemce zpřístupněny nové e-learningové materiály na [www.mendel-brno.cz](http://www.mendel-brno.cz)

Účastníci Odpoledne s DNA získali publikaci Genová exprese aneb co kódují geny, kterou připravila Mendelova interaktivní škola genetiky. Projekt (CZ.1.07/2.3.00/45.0037) je financován z Evropského sociálního fondu a státního rozpočtu České republiky.



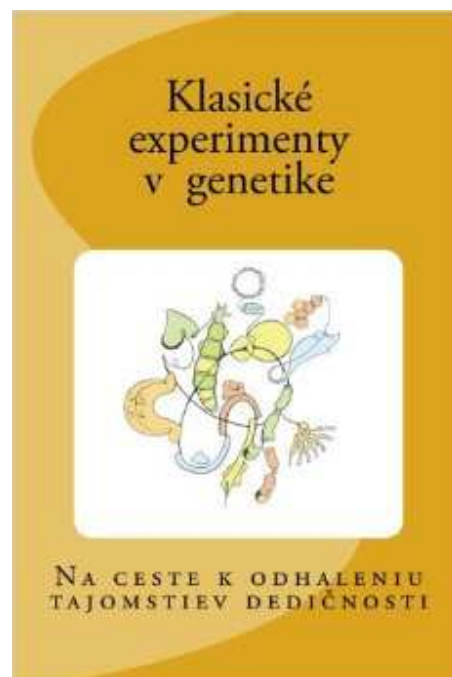
**Mgr. Eva Janečková** je doktorandkou oboru Molekulární a buněčná biologie PřF MU se školícím pracovištěm na Ústavu živočišné fyziologie a genetiky AV ČR, v.v.i. Aktuálně je kmenovou lektorkou Mendelovy interaktivní školy genetiky.

**Klasické experimenty v genetice – Na cestě k odhalení tajemství dědičnosti**

**Ľubomír Tomáška, Filip Brázdovič, Filip Červenák, Juraj Krajčovič, Andrea Ševčovičová, Andrea Cillingová<sup>#</sup>, Roman Dušínský, Vladimíra Džugasová, Eliška Gálová, Katarína Juríková, Eva Miadoková, Jozef Nosek<sup>#</sup>, Katarína Procházková, Regina Sepšiová, Miroslava Slaninová, Miroslav Švec, Július Šubík, Daniel Vlček. 2015.**

CreateSpace Independent Publishing Platform, 242 s (14 AH). ISBN 978-1511481717.

*Katedry genetiky a <sup>#</sup>biochémie, Prírodovedecká fakulta Univerzity Komenského v Bratislave*



**Recenze knihy „Klasické experimenty v genetice - Na ceste k odhaleniu tajomstiev dedičnosti“. Autoři Ľubomír Tomáška a kol., 242 stran.**

**Jiří Doškař**

Ústav experimentální biologie, Přírodovědecká fakulta MU

Kniha „Klasické experimenty v genetice - Na ceste k odhaleniu tajomstiev dedičnosti“ sepsaná kolektivem autorů z kateder genetiky a biochemie Přírodovědecké fakulty Univerzity Komenského v Bratislavě přináší přehled nejvýznamnějších experimentů, které vedly k zásadním objevům při objasňování zákonitostí dědičnosti, stály u zrodu genetiky a podmínily její rozvoj. V šesti kapitolách se autorům podařilo shrnout a přiblížit nejvýznamnější milníky, kterými genetika od svého vzniku prošla, od představ antických učenců až po exaktní experimentální přístupy novodobých badatelů. V dílčích podkapitolách jsou tématicky uspořádány a podrobně popsány přelomové objevy, počínaje těmi Mendelovými a konče těmi, které byly provedeny v r. 1965. Čtenář tak má možnost průběžně se seznamovat s originálně koncipovanými novými metodickými přístupy, které vedly ke klíčovým objevům nezbytným pro objasnění podstaty genů a jejich fungování. Dozví se, jak byly na vybraných modelových organis-

**Informační listy GSGM, 2015, 45: 29-30**

mech geny mapovány, jak byly odhaleny mechanismy zodpovědné za genetickou variabilitu i základní principy regulace genové exprese. S nástupem éry molekulární genetiky byly pak objasněny mechanismy uchovávání a přenosu genetické informace a dešifrován genetický kód. Poslední kapitoly autoři věnují mimojaderné dědičnosti a vztahu genetiky k evoluci, tématu, který je předmětem živých diskusí dodnes. Ke každému experimentu a objevu jsou uvedeny citace původních prací, v nichž byly poprvé zveřejněny a které umožní se s nimi detailně seznámit. Zásadní význam popsanych objevů dotvrzuje fakt, že většině jejich autorů byla udělena Nobelova cena.

Každá z kapitol je napínavým příběhem, v němž autoři přiblížili nejen dobu a východiska, na jejichž pozadí se tvořily koncepce experimentů, ale i osobní rysy badatelů a jejich zajímavé životní osudy. Nebylo opomenuto ani to, že mnohé z klíčových objevů nebyly ve své době doceněny nebo vůbec akceptovány. Poučné a s přesahem do současnosti je stále živé připomenutí společenských a politických vlivů, které v některých zemích vedly k zavržení genetiky jako vědy či jejímu zneužití. Na celé knize lze ocenit využití bohatých zdrojů, z nichž autoři vycházeli. I přesto, že se na sepsání dílčích kapitol podílel početný autorský kolektiv, je kniha stylisticky jednotná a vyvážená i co do předkládaných informací, vyžadujících popis experimentů z různých oblastí genetiky a odlišné objekty studia. V tomto směru se příznivě promítlo profesní zaměření autorů do oblastí jejich vlastního vědeckopedagogického působení.

Poslední část knihy tvoří chronologický přehled nejvýznamnějších objevů, z něhož si čtenář odnese jasnou představu o tom, jakými etapami genetika prošla a kolik otázek muselo být při objasňování podstaty dědičnosti zodpovězeno.

Knih je nejen poutavou četbou a nespornou motivací pro studenty genetiky, jimž je primárně určena, ale je i cenným zdrojem informací pro pedagogy a mladé i starší vědecké pracovníky, a to nejen pro ty s biologickým zaměřením. Podobná publikace uceleně shrnující historii zásadních objevů v genetice zatím na Slovensku stejně jako v českých zemích chyběla a je proto velmi záslužné, že se autorům podařilo tuto mezeru velmi zdařile zaplnit.



**prof. RNDr. Jiří Doškař, CSc.** (e-mail: [doskar@sci.muni.cz](mailto:doskar@sci.muni.cz)) je předsedou Genetické společnosti Gregora Mendela a dlouholetým garantem a vyučujícím oboru Molekulární biologie a genetiky na Přírodovědecké fakultě MU v Brně, kde pracuje jako zástupce ředitele Ústavu experimentální biologie.

## Komplexní strukturní a funkční analýza jednotlivých podjednotek kvasinkového translačního iniciačního faktoru 3

**Mgr. Anna Herrmannová**

Mikrobiologický ústav AV ČR, v.v.i., Vídeňská 1083, 142 20 Praha 4 – Krč

### Abstrakt

Eukaryotická iniciace translace je komplexní proces, který je ovlivněn mnoha proteiny a proteinovými komplexy, které nazýváme translační iniciační faktory. Eukaryotický translační iniciační faktor 3 (eIF3) je komplexem více podjednotek a hraje roli hned v několika fázích iniciace translace. Iniciační faktor eIF3 se v kvasince *Saccharomyces cerevisiae* skládá z pěti esenciálních podjednotek (a/TIF32, b/PRT1, c/NIP1, g/TIF35, i/TIF34) a jedné neesenciální podjednotky (j/HCR1). Naším dlouhodobým cílem je porozumět tomu, jak eIF3 působí v různých fázích iniciace translace, které podjednotky nebo jejich domény hrají při těchto procesech důležitou roli, a také zmapování jeho vazebných míst na malé ribosomální podjednotce a vytvoření strukturního modelu celého komplexu.

V této práci jsou prezentovány výsledky dvou strukturních studií. První popisuje interakci objevenou pomocí NMR spektroskopie mezi RNA-rozpoznávajícím motivem lidského faktoru eIF3b a podjednotkou eIF3j. Druhá studie představuje krystalickou strukturu interakce mezi C-koncovým fragmentem kvasinkové podjednotky b/PRT1 a podjednotkou i/TIF34 v rozlišení 2,2 Å. První studie ukázala, že kritické determinanty této interakce jsou konzervovány také v kvasinkách, a že jejich mutace způsobuje zpomalení růstu, eliminuje asociaci j/HCR1 s b/PRT1 *in vitro* a *in vivo*, má vliv na vazbu eIF3 na 40S podjednotku a vede k defektu zvanému „leaky scanning“, který indikuje narušení procesu výběru AUG kodonu. V druhé studii jsme odhalili, že interakce mezi b/PRT1 a i/TIF34 závisí na dvou hlavních kontaktech. Mutace těchto kontaktů způsobují eliminaci vazby i/TIF34 a g/TIF35 podjednotek na multifaktoriální komplex, snižují vazbu zbývajících podjednotek eIF3 a také iniciačního faktoru 5 na ribozom a vedou k akumulaci aberantních preiniciačních komplexů, které způsobují „leaky scanning“.

V dalších studiích jsme identifikovali nové kontakty mezi C-koncovou doménou a/TIF32 a ribosomálními proteiny malé podjednotky RPS2 a RPS3, a mezi j/HCR1 a RPS2 a RPS23. Tyto kontakty vzájemně interagujících podjednotek eIF3 naznačují, že se tyto podjednotky váží na ribozom v blízkosti vstupního kanálu pro mRNA, kde mohou regulovat výběr start kodonu, a v případě a/TIF32-CTD také usnadňovat vazbu mRNA na ribozom. Dále jsme také zjistili, že se podjednotka g/TIF35 váže na ribosomální proteiny RPS3 a RPS20, což naznačuje že subkomplex g/TIF35-i/TIF34 se nachází nad vstupním kanálem pro mRNA, kde může ovlivňovat skenování a také kriticky přispívat k

správnému sestavení 48S preiniciačního komplexu. Dále jsme také popsali, jak N-koncová doména c/NIP1 ovlivňuje působení faktorů eIF1 a eIF5 během vazby ternárního komplexu a během výběru iniciačního kodonu a zmapovali jsme vazebná místa těchto faktorů na podjednotce c/NIP1-NTD.

V dalších studiích jsme poté ukázali, že N-koncová doména a/TIF32 a podjednotka g/TIF35 hrají důležitou roli v procesu genově specifické regulace zvané reiniciace, ačkoli molekulární mechanismus působení obou podjednotek se liší.

## Úvod

Translace, neboli syntéza proteinů, se odehrává v cytoplazmě, kde se mRNA váže nejprve na malou a poté na velkou ribozomální podjednotku. Translaci můžeme rozdělit do čtyř fází: iniciace, elongace, terminace a recyklace ribozomálních podjednotek. Eukaryotické iniciace translace se účastní nespočet proteinů a proteinových komplexů, které nazýváme eukaryotické iniciační faktory (eIFs).

Iniciace translace začíná navázáním ternárního komplexu (TC), který se skládá z Met-tRNA<sub>i</sub> a eIF2 s navázaným GTP (Erickson and Hannig, 1996; Kapp and Lorsch, 2004), na 40S ribozomální podjednotku, čímž dojde k vytvoření 43S preiniciačního komplexu (PIC). Vazbu TC na 40S ribozomální podjednotku stimulují iniciační faktory eIF1, eIF1A, eIF5 a eIF3 (Hinnebusch *et al.*, 2007; Lorsch and Dever, 2010; Pestova *et al.*, 2007). 43S PIC se poté s pomocí faktorů eIF4F, eIF4B, PABP a eIF3 (Mitchell *et al.*, 2010) váže na 5' konec mRNA opatřený čepičkou a tím vzniká 48S PIC.

Po navázání v blízkosti čepičky 48S PIC skenuje mRNA, dokud nerozpozná AUG iniciační kodón v optimálním kontextu (Kozak, 1986). eIF5 stimuluje eIF2 k hydrolýze GTP na GDP a Pi, avšak Pi není z komplexu uvolněn, dokud nedojde k párování bází mezi antikodómem Met-tRNA<sub>i</sub> a AUG iniciačním kodómem, což vede k uvolnění nebo přemístění eIF1 (Algire *et al.*, 2005; Cheung *et al.*, 2007; Karásková *et al.*, 2012). Poté, co byl AUG iniciační kodón rozpoznán, dochází k navázání 60S ribozomální podjednotky za pomoci eIF5B s navázaným GTP (Pestova *et al.*, 2000). Po spojení ribozomálních podjednotek většina iniciačních faktorů opouští ribozom. Výjimku tvoří eIF1A (Unbehauen *et al.*, 2004), eIF3 (Munzarová *et al.*, 2011; Szamecz *et al.*, 2008) a eIF4F (Pöyry *et al.*, 2004).

Nakonec GTPázové aktivační centrum na 60S podjednotce stimuluje hydrolýzu GTP na eIF5B, což vede k disociaci eIF1A a eIF5B a vytvoření 80S ribozomu, který může vstoupit do elongační fáze. Aby mohlo dojít k dalšímu cyklu iniciace, volný eIF2-GDP musí být nejprve recyklován na eIF2-GTP pomocí faktoru eIF2B (Pavitt *et al.*, 1998).

### **eIF3 komplex**

Kvasinkový iniciační faktor eIF3 je velkým proteinovým komplexem (cca 360kD) složeným z několika podjednotek, který stimuluje vazbu Met-tRNA<sub>i</sub> a mRNA na 40S ribozomální podjednotku (Jivotovskaya *et al.*, 2006; Nielsen *et al.*, 2006) a hraje důležitou roli v následném skenování a rozpoznání AUG iniciačního kodónu (Chiu *et al.*, 2010). Zároveň se účastní dalších procesů na translaci navazujících jako je reiniciace (Szamecz *et al.*, 2008), terminace translace *in vivo* (Beznosková *et al.*, 2013), nebo recyklace ribozomálních podjednotek *in vitro* (Pisarev *et al.*, 2007; Pisarev *et al.*, 2010).



eIF3 z kvasinky *Saccharomyces cerevisiae* je složen z pěti esenciálních podjednotek: a/TIF32, b/PRT1, c/NIP1, i/TIF34 a g/TIF35 (Asano *et al.*, 1998) a jedné neesenciální substoichiometrické podjednotky j/HCR1 (Valásek *et al.*, 1999). Všechny podjednotky mají své orthology v savčím eIF3 komplexu, který se skládá z třinácti různých podjednotek pojmenovaných eIF3a až eIF3m.

## Cíle práce

Cílem této práce bylo prozkoumat a popsat úlohu jednotlivých podjednotek eIF3 při iniciaci translace, ve snaze lépe porozumět jejich funkcím, jakož i jejich interakcím s 40S podjednotkou ribozomu a mezi sebou navzájem. Hlavním cílem naší laboratoře je získat 3D strukturní model samostatného eIF3, případně jeho komplexu s další iniciačními faktory a s 40S podjednotkou ribozomu, k čemuž tato práce významně přispěla. Konkrétně mým cílem bylo:

1. popsat interakci mezi C-koncem b/PRT1 a i/TIF34 podjednotkou, zmapovat jednotlivá rezidua nezbytná pro tuto interakci a prokázat jejich význam pomocí cílené mutagenese v kvasinkových buňkách a dále prozkoumat funkční důsledky těchto mutací;
2. popsat interakci mezi lidským eIF3b-RRM a eIF3j a zjistit, zda je tato interakce evolučně konzervovaná také v kvasinkových buňkách; pokud ano, otestovat význam této interakce pomocí cílené mutagenese a prozkoumat funkční důsledky těchto mutací; dále také bylo mým cílem charakterizovat funkce jednotlivých polovin j/HCR1 při iniciaci translace.
3. charakterizovat funkci C-koncové domény a/TIF32 při iniciaci translace pomocí cílené mutagenese, především pak funkci HLD domény a evolučně konzervovaného KERR motivu, které jsou její součástí; dále bylo mým cílem identifikovat vazebné partnery a/TIF32-CTD mezi ribozomálními proteiny malé podjednotky a zmapovat tak její pozici na ribozomu;
4. přiřadit funkce dvěma malým, dříve nepopsaným podjednotkám eIF3: i/TIF34 a g/TIF35; izolovat mutace v těchto podjednotkách, které nenarušují integritu eIF3 a zároveň způsobují silný růstový fenotyp, který by nám pomohl odhalit molekulární úlohu těchto dvou malých podjednotek při iniciaci translace; dále bylo mým cílem identifikovat vazebné partnery těchto podjednotek mezi 40S ribozomálními proteiny a zmapovat tak jejich pozici na ribozomu;
5. blíže popsat úlohu N-koncové domény c/NIP1 při rozpoznání AUG iniciačního kodónu a při vazbě TC na 40S podjednotku pomocí částečně náhodné mutagenese; mým cílem bylo identifikovat jednotlivá rezidua nezbytná pro tyto funkce a také zmapovat vazebná místa pro eIF1 a eIF5 v rámci c/NIP1-NTD.

## Materiál a metody

Všechny experimenty byly provedeny s použitím modelového organismu kvasinky *Saccharomyces cerevisiae*. Výjimkou je strukturní studie interakce mezi b/PRT1-RRM a j/HCR1, kde byly použity lidské proteiny.

V práci byly použity následující metody: 1% a 2% HCHO-fixace, příprava buněčných extraktů, frakcionace buněčných extraktů a analýza preiniciačních komplexů, analýza 48S PIC (mRNA vazebná analýza), analýza polyzomových profilů, beta-

galaktozidázová a luciferázová analýza, glutathion S-transferázová (GST) vazebná analýza, Ni<sup>2+</sup> chelační chromatografie, NMR spektroskopie, příprava protilátek, purifikace proteinů, resedimentační analýza preiniciačních komplexů a Western blot analýza.

## Výsledky a diskuze

### **Strukturní analýza subkomplexů eIF3**

Pomocí NMR spektroskopie jsme popsali strukturu interakce mezi dvěma podjednotkami lidského eIF3 (Elantak *et al.*, 2010). Zjistili jsme, že konzervovaný tryptofan v N-koncové doméně (NTD) eIF3j se váže do hydrofobní kapsy tvořené helixem alfa1 a smyčkou 5, které jsou součástí RNA rozpoznávajícího motivu (RRM) eIF3b. Mutace odpovídajících aminokyselin v kvasinkovém b/PRT1-RRM způsobily silný růstový fenotyp a eliminovaly vazbu mezi j/HCR1 a b/PRT1 *in vitro* a vazbu j/HCR1 na multifaktoriální komplex (MFC) *in vivo*. Mutace v b/PRT1-RRM také značně snížila vazbu celého eIF3 na 40S podjednotku ribozomu, což naznačuje, že b/PRT1-RRM přímo interaguje s 40S podjednotkou, avšak vazebný partner zatím nebyl identifikován. Mutace v b/PRT1-RRM také způsobila tzv. “leaky scanning” fenotyp, který je charakterizován častějším pročitáním AUG iniciačního kodónu. Tyto výsledky proto naznačují, že b/PRT1-RRM a jeho interakce s j/HCR1 jsou důležité pro správné rozpoznání AUG iniciačního kodónu.

V další strukturní práci (Herrmannová *et al.*, 2011) jsme se zaměřili na C-konec b/PRT1 a jeho interakci s i/TIF34. Popsali jsme první strukturu interakce mezi dvěma podjednotkami eIF3 v atomové rezoluci. Tato interakce je zprostředkována dvěma hlavními kontakty, které jsme podrobili cílené mutagenезi. Podařilo se nám tak přerušit vazbu mezi b/PRT1 a i/TIF34, což způsobilo silný růstový fenotyp a eliminovalo nejen i/TIF34 ale také g/TIF35 z eIF3 komplexu a z MFC *in vivo*. Překvapivě byla také destabilizována vazba ostatních eIF3 podjednotek a eIF5 na 40S ribozomální podjednotku, což vedlo ke vzniku aberantních preiniciačních komplexů (PIC) obsahujících pouze eIF1 a eIF2. Tyto aberantní PIC nemohou správně iniciovat translaci, a proto výrazně zvyšují pročitání AUG iniciačního kodónu, což naznačuje, že je narušena vazba mezi mRNA a ribozomálním dekódovacím centrem. Zvýšená exprese g/TIF35 pravděpodobně předchází vzniku aberantních PIC, a proto suprimuje jak růstový tak “leaky scanning” fenotyp mutantů.

### **Funkční charakterizace podjednotek eIF3**

Dalším dlouhodobým cílem naší laboratoře je přiřadit funkce jednotlivým podjednotkám eIF3 komplexu. Zaměřili jsme se na dříve pouze stručně popsané podjednotky eIF3 (g/TIF35 a i/TIF34), které jsou esenciální pro životaschopnost kvasinkových buněk (Hanachi *et al.*, 1999; Naranda *et al.*, 1997).

Ukázali jsme (Cuchalová *et al.*, 2010), že obě podjednotky stimulují lineární skenování. Vytvořili jsme mutace v i/TIF34 a v g/TIF35, které mají silný růstový fenotyp a snižují efektivitu iniciace translace *in vivo* a zároveň nemají vliv na integritu eIF3 ani na formaci 48S PIC. Obě mutanty také narušují translační kontrolní mechanismus GCN4, který striktně reguluje expresi GCN4 v závislosti na dostupných živinách. Mutace v

i/TIF34 snižuje efektivitu translace, což vede k nedostatečné aktivaci *GCN4* exprese během hladovění. Mutace v g/TIF35 zabraňuje následnému skenování po ukončení translace na uORF1 a také snižuje schopnost skenování přes stabilní sekundární struktury.

Z našich výsledků vyplývá, že esenciální charakter obou malých podjednotek eIF3 může být vysvětlen jejich stimulačním efektem na lineární skenování. Ztrátou tohoto stimulačního efektu budou ovlivněny pouze specifické mRNA, jako například mRNA kódující přísně regulované geny, které se účastní regulace buněčného cyklu nebo přenosu signálu, které mají často dlouhé 5' nepřekládané oblasti bohaté na sekundární struktury (Kozak, 2005; van der Velden and Thomas, 1999). Jejich efektivní translace proto může záviset na funkci g/TIF35 a i/TIF34 stimuluji skenování. Tento závěr je v souladu s předchozími pracemi, které ukázaly, že specifické mutace v i/TIF34 mají vliv na regulaci buněčného cyklu a na párování (Verlhac *et al.*, 1997).

Ve studii naší laboratoře (Elantak *et al.*, 2010) jsme funkčně charakterizovali jedinou neesenciální podjednotku eIF3, a to j/HCR1. Ukázali jsme, že N-koncová polovina j/HCR1 je nepostradatelná a dokáže zastat všechny funkce j/HCR1 potřebné pro plnohodnotný růst kvasinkových buněk. Delece j/HCR1 nebo j/HCR1-NTD má za následek silný "leaky scanning" fenotyp, který ukazuje na defekt v rozpoznání AUG iniciačního kodónu.

Po zjištění, že j/HCR1 i jeho vazebný partner b/PRT1-RRM hrají důležitou roli ve správném rozpoznání AUG iniciačního kodónu (Elantak *et al.*, 2010), jsme se rozhodli zaměřit svou pozornost na jejich vzájemného vazebného partnera - a/TIF32-CTD. Připravili jsme několik cílených mutantů v a/TIF32-CTD, a zjistili jsme, že snižují vazbu mRNA na 40S ribozomální podjednotku a narušují procesivitu skenování *in vivo* (Chiu *et al.*, 2010). Dále také ovlivňují rozpoznání AUG iniciačního kodónu podobně jako b/PRT1-RRM a j/HCR1.

Na základě zjištění, že a/TIF32-CTD interaguje s komponenty 40S podjednotky v blízkosti vstupního kanálu pro mRNA (Chiu *et al.*, 2010; Valášek *et al.*, 2003) předpokládáme, že a/TIF32-CTD může ovlivňovat přechod z otevřené do uzavřené konformace PIC. Blízkost a/TIF32-CTD a vstupního kanálu pro mRNA může také vysvětlit schopnost a/TIF32-CTD ovlivňovat vazbu mRNA. a/TIF32-CTD může tvořit jakési prodloužení vstupního kanálu, jak již bylo dříve navrženo pro savčí eIF3a a eIF3d (Pisarev *et al.*, 2008).

Dále jsme se zaměřili i na N-koncovou doménu c/NIP1 podjednotky eIF3 (Karásková *et al.*, 2012). Tato doména byla již dříve popsána a bylo ukázáno, že zprostředkovává interakci eIF3 s eIF1 a eIF5 (Valášek *et al.*, 2002), stimuluje vznik 43S PIC koordinuje funkce eIF1 a eIF5 při rozpoznání AUG iniciačního kodónu (Valášek *et al.*, 2004). Dříve identifikované segmenty c/NIP1-NTD jsme podrobili částečně náhodné mutagenезi a identifikovali jsme tři hlavní třídy mutantů ovlivňující buď vazbu TC nebo rozpoznání AUG kodónu nebo obojí. Dále jsme také identifikovali vazebná místa pro eIF1 a eIF5 v rámci c/NIP1-NTD. Zjistili jsme, že minimální vazebná doména pro eIF5 bez vazebného místa pro eIF1 vykazuje vyšší afinitu k eIF5 než celý N-koncový segment. Proto předpokládáme, že c/NIP1-NTD může být značně flexibilní a prochází výraznou strukturní změnou, když se eIF3 váže do MFC.

Z našich výsledků vyplývá, že po navázání MFC na ribozom se c/NIP1-NTD váže v blízkosti A místa kam přináší eIF1 a eIF5. (Valášek *et al.*, 2003; Valášek *et al.*, 2004). Zatímco eIF5 se váže v této oblasti, eIF1 se následně přemístí na pozici v blízkosti P

místa, kde ovlivňuje skenování (Rabl *et al.*, 2011). Toto přemístění může být součástí větší konformační změny celé hlavy 40S ribozomu, při které se otevírá mRNA vazebný kanál, a je vyvolána faktory eIF1 a eIF1A (Passmore *et al.*, 2007).

### **Nově identifikovaná vazebná místa eIF3 na 40S ribozomální podjednotce**

Abychom lépe porozuměli roli, kterou hraje eIF3 při vzniku preiniciačních komplexů, zaměřili jsme svou snahu na zmapování vazebných míst eIF3 na 40S podjednotce ribozomu. Již dříve jsme zjistili, že a/TIF32-NTD interaguje s ribozomálním proteinem malé podjednotky - RPS0A, který se nachází na vnější straně ribozomu v blízkosti výstupního kanálu pro mRNA (Kouba *et al.*, 2012a; Valášek *et al.*, 2003). a/TIF32-NTD tak tvoří důležitý intermolekulární kontakt s 40S ribozomem. Dále jsme také ukázali, že C-konec a/TIF32 interaguje s 18S rRNA (helixy 16-18) (Valášek *et al.*, 2003). V nedávné době jsme také popsali interakci mezi PCI doménou c/NIP1-CTD a proteinem malé ribozomální podjednotky RACK1/ACS1, která se nachází nad výstupním kanálem pro mRNA (Kouba *et al.*, 2012b).

Zaměřili jsme se rovněž na upřesnění pozice eIF3 na ribozómu. V práci (Elantak *et al.*, 2010) jsme ukázali, že C-koncová polovina j/HCR1 specificky interaguje s proteiny RPS2 a RPS23, které jsou součástí vstupního kanálu pro mRNA. V souladu s těmito výsledky jsme také identifikovali vazbu mezi a/TIF32-CTD, vazebným partnerem j/HCR1, a proteiny RPS2 a RPS3 (Chiu *et al.*, 2010). Dále jsme také popsali novou interakci mezi g/TIF35 a proteiny RPS3 a RPS20 (Cuchalová *et al.*, 2010).

Naše výsledky tak jasně naznačují, že se eIF3 nachází na vnější straně 40S ribozomu, což již bylo dříve navrženo pro savčí eIF3 (Pisarev *et al.*, 2008; Siridechadilok *et al.*, 2005; Srivastava *et al.*, 1992). a/TIF32-CTD, j/HCR1 a g/TIF35 se váží na proteiny, které tvoří vstupní kanál pro mRNA, který prochází remodelací během změny konformace 40S ribozomu z otevřené na uzavřenou. Pravděpodobně díky těmto kontaktům mohou podjednotky eIF3 plnit své funkce při skenování a výběru AUG iniciačního kodónu.

### **eIF3 hraje roli při obnovení skenování a reiniciaci**

Reiniciace (REI) je genově specifický mechanismus, který reguluje určité proteiny (jako například transkripční faktory nebo protoonkogeny) v závislosti na různých vnějších stimulech (Kozak, 2005). Regulace kvasinkového genu *GCN4* je jedním z nejlépe popsaných příkladů translační kontroly využívajících REI (Hinnebusch, 2005). Mechanismus reiniciace však stále není zcela objasněn. V současnosti se domníváme, že pro REI je důležitá přítomnost eIF4G na 40S podjednotce ribozomu po iniciaci (Pöyry *et al.*, 2004) a nedávné studie ukazují na zásadní význam eIF3 pro tento proces (Cuchalová *et al.*, 2010; Munzarová *et al.*, 2011; Szamecz *et al.*, 2008).

Zjistili jsme, že zkrácení N-konce a/TIF32 o 200 reziduí způsobuje zablokování indukce exprese *GCN4*, a to dosud nepopsaným mechanismem (Szamecz *et al.*, 2008). Dalším zkoumáním jsme zjistili, že se a/TIF32-NTD váže na sekvenční před uORF1 a tím stabilizuje postterminační ribozomy na mRNA, které pak mohou obnovit skenování. Tyto výsledky byly dále potvrzeny (Munzarová *et al.*, 2011).

a/TIF32 není jedinou podjednotkou eIF3, která hraje roli při procesu REI. V naší práci (Cuchalová *et al.*, 2010) jsme popsali mutaci g/TIF35-RRM, která má silný Gcn-

fenotyp způsobený neschopností ribozomů obnovit skenování po přeložení uORF1 na GCN4 mRNA. Bližší analýza však ukázala, že g/TIF35-RRM a a/TIF32-NTD přispívají k efektivní reiniciaci různými molekulárními mechanismy. Mechanismus působení g/TIF35-RRM stále nebyl objasněn.

Z našich výsledků vyplývá, že eIF3, jmenovitě a/TIF32-NTD a g/TIF35-RRM, významně přispívá k efektivnímu procesu reiniciace v kvasinkách. To je ve shodě s dalšími výsledky, které například ukazují, že eIF3g hraje důležitou roli v procesu REI u rostlin (Park *et al.*, 2001).

## Závěry

Tato práce významně přispěla k pochopení funkce eIF3 při iniciaci translace a přinesla nové poznatky o poloze eIF3 na 40S ribozomu. Dále také objasnila strukturu některých interakcí mezi podjednotkami eIF3, čímž jsme učinili další krůček na cestě k objasnění struktury celého eIF3 komplexu.

Identifikovali jsme nové vazby mezi eIF3 a 40S podjednotkou ribozomu, což nám umožnilo lépe předpovědět pozici eIF3 na vnější straně 40S podjednotky.

Popsali jsme funkce některých podjednotek eIF3 nebo jejich domén a ukázali jsme, že: i) j/HCR1, b/PRT1-RRM a a/TIF32-CTD přímo ovlivňují proces výběru AUG iniciačního kodónu *in vivo*; ii) c/NIP1-NTD významně ovlivňuje rozpoznání AUG a vazbu TC skrze své kontakty s eIF1 a eIF5; iii) a/TIF32-CTD stimuluje vazbu mRNA; iv) g/TIF35, i/TIF34 a a/TIF32-CTD stimuluje efektivitu a procesivitu skenování; a nakonec v) a/TIF32-NTD a g/TIF35 umožňují obnovení skenování post-terminačních ribozomů a umožňují tak proces reiniciace.

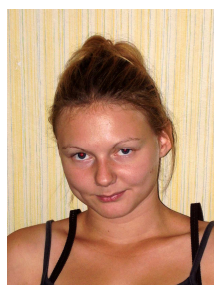
## Literatura

- Algire, M. A., Maag, D. and Lorsch, J. R. (2005). Pi release from eIF2, not GTP hydrolysis, is the step controlled by start-site selection during eukaryotic translation initiation. *Mol. Cell* 20, 251–62.
- Asano, K., Phan, L., Anderson, J. and Hinnebusch, A. G. (1998). Complex formation by all five homologues of mammalian translation initiation factor 3 subunits from yeast *Saccharomyces cerevisiae*. *J. Biol. Chem.* 273, 18573–85.
- Beznošková, P., Cuchalová, L., Wagner, S., Shoemaker, C. J., Gunišová, S., von der Haar, T. and Valášek, L. S. (2013). Translation Initiation Factors eIF3 and HCR1 Control Translation Termination and Stop Codon Read-Through in Yeast Cells. *PLoS Genet.* 9, e1003962.
- Cuchalová, L., Kouba, T., Herrmannová, A., Dányi, I., Chiu, W. and Valášek, L. (2010). The RNA recognition motif of eukaryotic translation initiation factor 3g (eIF3g) is required for resumption of scanning of posttermination ribosomes for reinitiation on GCN4 and together with eIF3i stimulates linear scanning. *Mol. Cell. Biol.* 30, 4671–86.
- Elantak, L., Wagner, S., Herrmannová, A., Karásková, M., Rutkai, E., Lukavsky, P. J. and Valášek, L. (2010). The indispensable N-terminal half of eIF3j/HCR1 cooperates with its structurally conserved binding partner eIF3b/PRT1-RRM and with eIF1A in stringent AUG selection. *J. Mol. Biol.* 396, 1097–116.

- Erickson, F. L. and Hannig, E. M. (1996). Ligand interactions with eukaryotic translation initiation factor 2: role of the g-subunit. *EMBO J.* 15, 6311–6320.
- Hanachi, P., Hershey, J. W. B. and Vornlocher, H. P. (1999). Characterization of the p33 subunit of eukaryotic translation initiation factor-3 from *Saccharomyces cerevisiae*. *J Biol Chem* 274, 8546–8553.
- Herrmannová, A., Daujotyte, D., Yang, J.-C., Cuchalová, L., Gorrec, F., Wagner, S., Dányi, I., Lukavsky, P. J. and Shivaya Valásek, L. (2011). Structural analysis of an eIF3 subcomplex reveals conserved interactions required for a stable and proper translation pre-initiation complex assembly. *Nucleic Acids Res.*
- Hinnebusch, A. G. (2005). Translational regulation of GCN4 and the general amino acid control of yeast. *Annu. Rev. Microbiol.* 59, 407–50.
- Hinnebusch, A. G., Dever, T. E. and Asano, K. A. (2007). Mechanism of translation initiation in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*. In *Translational Control in biology and medicine* (ed. Sonenberg, N., Mathews, M., and Hershey, J. W. B.), pp. 225–268. Cold Spring Harbor, NY.: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Cheung, Y.-N., Maag, D., Mitchell, S. F., Fekete, C. A., Algire, M. A., Takacs, J. E., Shirokikh, N., Pestova, T., Lorsch, J. R. and Hinnebusch, A. G. (2007). Dissociation of eIF1 from the 40S ribosomal subunit is a key step in start codon selection in vivo. *Genes Dev.* 21, 1217–30.
- Chiu, W.-L., Wagner, S., Herrmannová, A., Burela, L., Zhang, F., Saini, A. K., Valásek, L. and Hinnebusch, A. G. (2010). The C-terminal region of eukaryotic translation initiation factor 3a (eIF3a) promotes mRNA recruitment, scanning, and, together with eIF3j and the eIF3b RNA recognition motif, selection of AUG start codons. *Mol. Cell Biol.* 30, 4415–34.
- Jivotovskaya, A., Valásek, L., Hinnebusch, A. G. and Nielsen, K. H. (2006). Eukaryotic translation initiation factor 3 (eIF3) and eIF2 can promote mRNA binding to 40S subunits independently of eIF4G in yeast. *Mol Cell Biol* 26, 1355–1372.
- Kapp, L. D. and Lorsch, J. R. (2004). GTP-dependent recognition of the methionine moiety on initiator tRNA by translation factor eIF2. *J. Mol. Biol.* 335, 923–36.
- Karásková, M., Gunišová, S., Herrmannová, A., Wagner, S., Munzarová, V., Valásek, L. S., Gunisová, S. and Valásek, L. S. (2012). Functional Characterization of the Role of the Nterminal Domain of the c/Nip1 Subunit of Eukaryotic Initiation Factor 3 (eIF3) in AUG Recognition. *J. Biol. Chem.* 287, 28420–34.
- Kouba, T., Dányi, I., Gunišová, S., Munzarová, V., Vlčková, V., Cuchalová, L., Neueder, A., Milkereit, P. and Valásek, L. S. (2012a). Small Ribosomal Protein RPS0 Stimulates Translation Initiation by Mediating 40S-Binding of eIF3 via Its Direct Contact with the eIF3a/TIF32 Subunit. *PLoS One* 7, e40464.
- Kouba, T., Rutkai, E., Karásková, M. and Valásek, L. S. (2012b). The eIF3c/NIP1 PCI domain interacts with RNA and RACK1/ASC1 and promotes assembly of translation preinitiation complexes. *Nucleic Acids Res.* 40, 2683–99.
- Kozak, M. (1986). Point mutations define a sequence flanking the AUG initiator codon that modulates translation by eukaryotic ribosomes. *Cell* 44, 283–292.
- Kozak, M. (2005). Regulation of translation via mRNA structure in prokaryotes and eukaryotes. *Gene* 361, 13–37.
- Lorsch, J. R. and Dever, T. E. (2010). Molecular view of 43 S complex formation and start site selection in eukaryotic translation initiation. *J. Biol. Chem.* 285, 21203–7.

- Mitchell, S. F., Walker, S. E., Algire, M. A., Park, E.-H., Hinnebusch, A. G. and Lorsch, J. R. (2010). The 5'-7-Methylguanosine Cap on Eukaryotic mRNAs Serves Both to Stimulate Canonical Translation Initiation and to Block an Alternative Pathway. *Mol. Cell* 39, 950–62.
- Munzarová, V., Pánek, J., Gunišová, S., Dányi, I., Szamecz, B. and Valášek, L. S. (2011). Translation reinitiation relies on the interaction between eIF3a/TIF32 and progressively folded cis-acting mRNA elements preceding short uORFs. *PLoS Genet.* 7, e1002137.
- Naranda, T., Kainuma, M., MacMillan, S. E. and Hershey, J. W. (1997). The 39-kilodalton subunit of eukaryotic translation initiation factor 3 is essential for the complex's integrity and for cell viability in *Saccharomyces cerevisiae*. *Mol. Cell. Biol.* 17, 145–53.
- Nielsen, K. H., Valášek, L., Sykes, C., Jivotovskaya, A. and Hinnebusch, A. G. (2006). Interaction of the RNP1 motif in PRT1 with HCR1 promotes 40S binding of eukaryotic initiation factor 3 in yeast. *Mol Cell Biol* 26, 2984–2998.
- Park, H. S., Himmelbach, A., Browning, K. S., Hohn, T. and Ryabova, L. A. (2001). A plant viral “reinitiation” factor interacts with the host translational machinery. *Cell* 106, 723–33.
- Passmore, L. A., Schmeing, T. M., Maag, D., Applefield, D. J., Acker, M. G., Algire, M. A., Lorsch, J. R. and Ramakrishnan, V. (2007). The eukaryotic translation initiation factors eIF1 and eIF1A induce an open conformation of the 40S ribosome. *Mol. Cell* 26, 41–50.
- Pavitt, G. D., Ramaiah, K. V. A., Kimball, S. R. and Hinnebusch, A. G. (1998). eIF2 independently binds two distinct eIF2B subcomplexes that catalyze and regulate guaninenucleotide exchange. *Genes Dev.* 12, 514–526.
- Pestova, T. V., Lomakin, I. B., Lee, J. H., Choi, S. K., Dever, T. E. and Hellen, C. U. T. (2000). The joining of ribosomal subunits in eukaryotes requires eIF5B. *Nature* 403, 332–335.
- Pestova, T. V., Lorsch, J. R. and Hellen, C. U. T. (2007). The mechanism of translation initiation in eukaryotes. In *Translational Control in biology and medicine* (ed. Sonenberg, N., Mathews, M., and Hershey, J. W. B.), pp. 87–128. Cold Spring Harbor, NY.: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Pisarev, A. V., Hellen, C. U. T. and Pestova, T. V. (2007). Recycling of eukaryotic posttermination ribosomal complexes. *Cell* 131, 286–99.
- Pisarev, A. V., Kolupaeva, V. G., Yusupov, M. M., Hellen, C. U. T. and Pestova, T. V. (2008). Ribosomal position and contacts of mRNA in eukaryotic translation initiation complexes. *EMBO J.* 27, 1609–21.
- Pisarev, A. V., Skabkin, M. A., Pisareva, V. P., Skabkina, O. V., Rakotondrafara, A. M., Hentze, M. W., Hellen, C. U. T. and Pestova, T. V. (2010). The role of ABCE1 in eukaryotic posttermination ribosomal recycling. *Mol. Cell* 37, 196–210.
- Pöyry, T. A. A., Kaminski, A. and Jackson, R. J. (2004). What determines whether mammalian ribosomes resume scanning after translation of a short upstream open reading frame? *Genes Dev.* 18, 62–75.
- Rabl, J., Leibundgut, M., Ataíde, S. F., Haag, A. and Ban, N. (2011). Crystal structure of the eukaryotic 40S ribosomal subunit in complex with initiation factor 1. *Science* 331, 730–6.

- Siridechadilok, B., Fraser, C. S., Hall, R. J., Doudna, J. A. and Nogales, E. (2005). Structural roles for human translation factor eIF3 in initiation of protein synthesis. *Science* 310, 1513–5.
- Srivastava, S., Verschoor, A. and Frank, J. (1992). Eukaryotic initiation factor 3 does not prevent association through physical blockage of the ribosomal subunit-subunit interface. *J. Mol. Biol.* 220, 301–304.
- Szamecz, B., Rutkai, E., Cuchalová, L., Munzarová, V., Herrmannová, A., Nielsen, K. H., Burela, L., Hinnebusch, A. G. and Valášek, L. (2008). eIF3a cooperates with sequences 5' of uORF1 to promote resumption of scanning by post-termination ribosomes for reinitiation on GCN4 mRNA. *Genes Dev.* 22, 2414–25.
- Unbehaun, A., Borukhov, S. I., Hellen, C. U. T. and Pestova, T. V (2004). Release of initiation factors from 48S complexes during ribosomal subunit joining and the link between establishment of codon-anticodon base-pairing and hydrolysis of eIF2-bound GTP. *Genes Dev.* 18, 3078–93.
- Valášek, L., Hašek, J., Trachsel, H., Imre, E. M. and Ruis, H. (1999). The *Saccharomyces cerevisiae* HCR1 gene encoding a homologue of the p35 subunit of human translation initiation factor 3 (eIF3) is a high copy suppressor of a temperature-sensitive mutation in the Rpg1p subunit of yeast eIF3. *J. Biol. Chem.* 274, 27567–72.
- Valášek, L., Nielsen, K. H. and Hinnebusch, A. G. (2002). Direct eIF2-eIF3 contact in the multifactor complex is important for translation initiation in vivo. *EMBO J.* 21, 5886–5898.
- Valášek, L., Mathew, A., Shin, B. S., Nielsen, K. H., Szamecz, B. and Hinnebusch, A. G. (2003). The yeast eIF3 subunits TIF32/a, NIP1/c, and eIF5 make critical connections with the 40S ribosome in vivo. *Genes Dev.* 17, 786–799.
- Valášek, L., Nielsen, K. H., Zhang, F., Fekete, C. A. and Hinnebusch, A. G. (2004). Interactions of Eukaryotic Translation Initiation Factor 3 (eIF3) Subunit NIP1/c with eIF1 and eIF5 Promote Preinitiation Complex Assembly and Regulate Start Codon Selection. *Mol. Cell. Biol.* 24, 9437–9455.
- Van der Velden, A. W. and Thomas, A. A. M. (1999). The role of the 5' untranslated region of an mRNA in translation regulation during development. *Int. J. Biochem. Cell Biol.* 31, 87–106.
- Verlhac, M.-H., Chen, R.-H., Hanachi, P., Hershey, J. W. B. and Derynck, R. (1997). Identification of partners of TIF34, a component of the yeast eIF3 complex, required for cell proliferation and translation initiation. *EMBO J.* 16, 6812–6822.



**Mgr. Anna Herrmannová, Ph.D.** je absolventkou oboru Molekulární a buněčná biologie, genetika a virologie na Přírodovědecké fakultě Univerzity Karlovy v Praze. Svou doktorskou dizertační práci „Komplexní strukturní a funkční analýza jednotlivých podjednotek kvasinkového translačního iniciačního faktoru 3“ vypracovala pod vedením Mgr. Leoše Valáška, Ph.D. v Laboratoři regulace genové exprese Mikrobiologického ústavu AV ČR, v.v.i. a úspěšně ji obhájila 20.3.2014.



### **Perličky ze školních lavic**

Výroky zkoušených studentů tak, jak je zaznamenal během své pedagogické kariéry na Biologickém ústavu Lékařské fakulty MU (dříve UJEP) prof. MUDr. Jan Šmarda, DrSc.

„Posledním výrobkem oxidace je kyslík.“

\*\*\*

„Moderní fixační metodou je liliofilizace.“

\*\*\*

(Řeč se vede o genetickém kódu): „Nejdůležitější pro ten kód je, že při kódování se ten kód vůbec nemění.“

\*\*\*

„Nemoc se nám projeví až v té druhé fialové generaci.“

\*\*\*

„Pohlavní výběr je boj samců o samice, při kterém vzniká okouzlení té samice...“



## Produkty NimbleGen Sequence Capture

*Spolehněte se na kvalitní cílené obohacení DNA nebo RNA před NGS sekvenováním.*

**SeqCap EZ System** – objevte více sekvenačních variant a snižte potřebnou sekvenační kapacitu v případě ověřování mutací. Navrhněte si panel genů a oblastí dle svých potřeb nebo využijte nabídky již vybraných oblastí či obohacení celého exomu.

**SeqCap Epi System** – využijte obohacovací techniku pro analýzu methylace gDNA na úrovni jednotlivých nukleotidů. Otevřete si nové možnosti epigenomického výzkumu.

**SeqCap RNA System** – vyzkoušejte nový nástroj pro sekvenování celého transkriptomu nebo jednotlivých vybraných transkriptů. Obohacení RNA před sekvenováním zahrnuje přesně daný obsah lncRNA doplněný o zákaznický design.

[www.nimblegen.com](http://www.nimblegen.com)

[czech.appliedscience@roche.com](mailto:czech.appliedscience@roche.com)

Roche s.r.o., Diagnostická divize, Karlovo nám. 17, 128 00 Praha 2



## Spolehlivě ...

... s novým dávkovačem Eppendorf Multipipette® M4: jednoduše, bez námahy, ergonomicky.

S Multipipette M4 bude pipetování velkých sérií vzorků rychlejší a snazší: z jednoho naplnění zásobníku Combitip můžete vydat až 100 dávek.

Bez ohledu na to, zda pracujete s vodnými roztoky, viskózními kapalinami nebo s těkavými látkami bude dávkování vždy přesné.

- > Ovládání s vynaložením minimální síly a pouze jednou rukou (včetně odhazovače)
- > Počítadlo dávek
- > Dávky volitelné v rozpětí 1 µl – 10 ml (můžete vydat až 100 dávek)



Další novinka:  
Eppendorf Reference® 2

[www.eppendorf.com/m4](http://www.eppendorf.com/m4)

Eppendorf®, the Eppendorf logo, Multipipette® M4, Eppendorf Combitips®, Combitips®, Combitips advanced® and Eppendorf Reference® are registered trademarks of Eppendorf AG. All rights reserved, including graphics and pictures. Copyright © 2013 by Eppendorf AG.