

Slovenská akadémia vied

Ústav genetiky a biotechnológií rastlín

Mgr. Martin Hajduch, PhD

Molekulárna fyziológia semien



Vedný odbor: Botanika a fyziológia rastlín

Autoreferát dizertácie na získanie vedeckej hodnosti doktora vied

Nitra, máj 2014

Dizertačná práca bola vypracovaná na Ústave genetiky a biotechnológií rastlín

Slovenskej akadémie vied v Nitre

Dizertant: Mgr. Martin Hajduch, PhD
Ústav genetiky a biotechnológií rastlín
Slovenská akadémia vied
Akademická 2
950 07 Nitra

Oponenti:
.....
.....

Stanovisko k dizertácii vypracoval Ústav genetiky a biotechnológií rastlín Slovenskej akadémie vied v Nitre.

Autoreferát bol rozposlaný dňa:

Obhajoba dizertačnej práce sa koná dňa o hod. pred komisiou pre obhajoby doktorských prác v odbore 010806 fyziológia rastlín na Ústave genetiky a biotechnológií rastlín Slovenskej akadémie vied v Nitre

S dizertačnou prácou je možné sa oboznámiť na Ústave genetiky a biotechnológií rastlín Slovenskej akadémie vied v Nitre

RNDr. Andrej Kormuták, DrSc,
predseda komisie pre obhajoby
doktorských dizertačných prác vo vedných
odboroch 010801 Botanika a 010806
Fyziológia rastlín
Ústav genetiky a biotechnológií rastlín
Slovenskej akadémie vied v Nitre

Obsah

1. SÚČASNÝ STAV PROBLEMATIKY	4
1.2 Kvitnúce rastliny	5
1.3 Semená	6
2 CIELE PRÁCE	8
3 MATERIÁL A METODIKY	9
4 VÝSLEDKY PRÁCE S UVEDENÍM NOVÝCH POZNATKOV	10
4.1 Vývin sójového bôbu	11
4.2 Vývin semena repky olejnej	11
4.3 Vývin semena ricínu	12
4.4 Vývin semena arábovky	12
4.5 Analýza alergénnych proteínov	13
4.6 Výskum zníženia obsahu alergénnych proteínov	13
4.7 Zmeny v molekulárnej fyziológii vývinu semien v rádioaktívnej Černobyľskej oblasti	14
4.7.1 Vývin sójového bôbu v rádioaktívnom černobyľskom prostredí	15
4.7.2 Vývin ľanového semena v rádioaktívnom černobyľskom prostredí	16
5 ZÁVERY A PERSPEKTÍVY DO BUDÚCNOSTI	18
6 ZOZNAM CITOVAanej LITERATÚRY	19
7 ZOZNAM PUBLIKOVANÝCH PRÁc AUTORA POUŽITÝCH V DIZERTÁcII	22
8 PREHĽAD CITAČNÉHO OHLASU NA PRÁCE AUTORA POUŽITÉ V DIZERTÁcII	23
9 SUMMARY	43
10 ZUSAMMENFASSUNG	44

1. SÚČASNÝ STAV PROBLEMATIKY

Počas väčšiny predhistorického obdobia bol človek lovcem a zberačom rôznych plodov, hľúz, semien a orechov. Archeologické nálezy odhalili, že už počas epipaleoticko-neolitického obdobia dochádzalo k pestovaniu rastlinnej potravy človekom (Baker, 2006). Najdôležitejšie obdobie domestikácie rastlín bolo počas Neolitickej poľnohospodárskej revolúcie približne pred 10 000 až 13 000 rokmi (Purugganan & Fuller, 2011). Archeologické dôkazy svedčia o tom, že k pestovaniu potravinárskych rastlín dochádzalo v 24 a obilnín pravdepodobne v 15 oblastiach Nového a Starého sveta (Purugganan & Fuller, 2009). Kľúčovou vedomosťou v tomto úsilí bolo pochopenie úlohy semien v reprodukčnom procese rastlín. Aj keď semená človek využíva už niekoľko tisícročí a sú do detailov popísané, stále máme medzery v porozumení vývinovým procesom na ceste od zygoty po zrelé semeno. Vo svojej podstate semená predstavujú ochranný obal pre embryo rastliny a zásobu nutričných látok. Semená sú bohaté na proteíny a iné látky.

Jeden z cieľov systémovej biológie je porozumieť komplexnosti živých organizmov pomocou získavania, integrácie a interpretácie veľkých omických súborov dát (Ilsley a kol., 2009). Ako súčasť tohto snaženia, metódy globálnej analýzy proteínov významne prispievajú k lepšiemu pochopeniu metabolizmu a fyziológie rastlín. Výskum popísaný v tejto práci je založený v prevažnej miere na výsledkoch dosiahnutých pomocou proteomických prístupov, na výskume zrelých a vyvíjajúcich sa semien. Proteíny boli prvýkrát spomenuté v roku 1838 švédskym chemikom Jönsom Jakobom Berzeliusom. Názov je odvodený od gréckeho slova “πρώτα” (prota), ktoré má význam “primárnej dôležitosti”. Proteíny sú funkčné molekuly, ktoré operujú vo všetkých metabolických a regulačných dráhach v bunkách, tkanivách a organizmoch. Preto sú to zložky s kľúčovým významom pri zlepšovaní nutričných a poľnohospodárskych vlastností plodín. Proteíny sú často organizované do multiproteínových komplexov, ktoré často fungujú ako molekulárne spúšťače rôznych procesov a sú lokalizované v špecializovaných bunkových organelách.

Svet proteínov je preto veľmi komplexný. V dôsledku existencie alternatívnej transkripčnej iniciácie a alternatívneho zstrihu, expresia jedného génu môže vyústiť do niekoľkých transkriptov. Navyše transkript môže byť prepísaný aj do viacerých proteínov ako dôsledok alternatívnej iniciácie translácie. Proteíny môžu byť ďalej modifikované pomocou rôznych postranslačných modifikácií, z ktorých mnohé majú regulačnú funkciu ako napríklad fosforylácia. Pri takejto vysokej úrovni komplexnosti, analýza proteínov vo veľkom rozsahu, ktorou sa proteomika zaoberá, je nevyhnutná k ďalšiemu pokroku vo výskume rastlín. Slovo „proteomika“ bolo prvýkrát spomenuté v roku 1996 Marcom Wilkinsom, ktorý bol v tom čase doktorandom na Macquarie Univerzite v Austrálii ako proteínová alternatíva ku „genomike“ (Wilkins a kol., 1996). Proteomika sa môže definovať ako „postgenomická metóda“, pretože úspech pri identifikácii proteínov je závislý na kompletnosti genomických sekvencií a charakterizácii individuálnych proteínov. Proteomika má za cieľ analýzu celého proteómu, čiže súboru všetkých proteínov nachádzajúcich sa v organizme alebo v danej biologickej vzorke. Získanie takejto informácie poskytne komplexný pohľad metabolických procesov prebiehajúcich v skúmanom organizme.

1.2 Kvitnúce rastliny

Kvitnúce rastliny sú považované za najvyvinutejšie rastlinné formy na Zemi. Kľúčovou fázou v životnom cykle týchto rastlín je formovanie reprodukčnej mašinérie, ktorá vyústi do produkcie semien. Kvety môžu byť obojpohlavné s tyčinkami a piestikmi alebo jednopohlavné, ak má kvet iba tyčinky (samčie) alebo piestik (samičie) (Barrett, 2010). Kališné lístky zatvoria kvet do kalichu. Vnútri kališných lístkov sú korunné lupienky, ktoré tvoria okvetie (Zik & Irish, 2003). Vnútri okvetia sú tyčinky, ktoré pozostávajú z nitky a z peľnice. V strede kvetu je samičí reprodukčný orgán – piestik, ktorý pozostáva z blizny, čnelky a semenníka, kde sú uložené vajíčka.

Životný cyklus kvitnúcich rastlín sa začína tvorbou diploidného kvetu. V rámci tyčinky sa v peľnici tvoria haploidné mikrospóry. Mikrospóry sa ďalej mitoticky delia a vznikajú peľové

zrná (Singh & Bhalla, 2007, Borges a kol., 2008). V rámci vývinu vajíčka, megasporocyt prostredníctvom meiózy vytvorí štyri haploidné megaspóry. Tri z nich zvyčajne degenerujú a štvrtá sa vyvinie prostredníctvom mitózy do zrelého zárodočného mieška. Pri vstupe peľového vrecúška do zárodočného mieška, jedna zo spermatických buniek splynie s vajcovou bunkou a vytvorí diploidnú zygotu. Spojením druhej spermatickej bunky s centrálnym diploidným jadrom zárodočného mieška vzniká triploidný endosperm (Dumas & Rogowsky, 2008). Hlavná funkcia endospermu je poskytovať výživu embryu počas klíčenia (Sabelli & Larkins, 2009). Embryo sa vyvíja vnútri zárodočného mieška. Z obalu vajíčka sa neskôr vyvinie semenný obal a zo zrelého semenníka sa vyvinie plod. Následne semená vyklíčia a vyprodukujú novú rastlinu, pri ktorej sa tento reprodukčný cyklus zopakuje. V posledných rokoch sa zaznamenal zvýšený záujem o aplikovanie proteomiky pri štúdiu reprodukcie rastlín (Hochholdinger a kol., 2006). V našom prehľadnom článku publikovanom v roku 2011 v časopise *Sexual Plant Reproduction* sme zhodnotili relatívne malé množstvo literatúry súvisiacej s proteomickými analýzami reprodukcie kvitnúcich rastlín od kvetu po semeno a navrhli sme ďalšie smery pre ďalší rozvoj týchto analýz (Miernyk a kol., 2011).

1.3 Semená

V semene uzavreté embryo a nutričné látky potrebné pre prvé fázy klíčenia vo forme endospermu. Semená sú bohaté na proteíny a už boli objektom viacerých analýz s použitím hmotnostnej spektrometrie (MS). Zásobné bielkoviny (SSP), boli intenzívne študované počas uplynulých dekád bunkovými biológmi. Ale aj napriek tomu veľa komplikovaných aspektov ich syntézy a úlohy stále nie je uspokojivo objasnených. Súčasné štúdie sa uberajú smerom ich interakcie s inými proteínmi, ich postranslačnými modifikáciami a funkciou v rámci širšieho metabolizmu.

Vývin semena je charakterizovaný troma hlavnými fázami: embryogenéza, dozrievanie semena (alebo niekedy referované ako vyplňanie semena – seed filling) a desikácia semien (Angelovici a kol., 2010). Počas embryogenézy sa oplodnená vajcová bunka mnohonásobne

mitoticky delí a následne diferencuje za vzniku plne vyvinutého embrya. Syntéza zásobných látok prebieha počas dozrievania semena, ktoré je charakterizované rýchlou expanziou buniek, stratou centrálnej vakuoly a formovaním zásobných štruktúr vrátane vakuol na uskladnenie proteínov (PSV) a olejových teliesok (OB) na uskladnenie triacylglycerolov (Napier a kol., 1996). Počas 14-28 dní je typicky embryogénna bunka transformovaná na bunku zloženú hlavne z PSV a OB. Táto transformácia, geneticky a časovo programovaná, je napojená na produkciu metabolických prekursorov ako napríklad aminokyselín alebo malonyl-CoA. Iba malá odchýlka od metabolickej syntézy týchto látok môže spôsobiť niekedy až dramatické zmeny. Napríklad, nadmerná expresia biotínovej podjednotky acetyl-CoA karboxylázy (ACCase), čo je dôležitý krok v syntéze mastných kyselín, vyústila do produkcie bezbiotínového komplexu ACCasey (v dôsledku zvýšenej požiadavky na biotín) a 23% menšieho obsahu triacylglycerolov v semenách modelovej rastliny *Arabidopsis thaliana* (Thelen & Ohlrogge, 2002). My sme podrobili túto mutantnú rastlinu systémovej analýze s využitím transkriptomických a proteomických postupov a zistili sme neočakávané zmeny na globálnej úrovni syntézy proteínov. Tieto výsledky sme publikovali v časopise *Plant Physiology* (Chen a kol., 2009).

Semená a ich zásobné látky majú dôležitú úlohu nie iba v ľudskej a zvieracej výžive, ale sú aj dôležitým zdrojom surovín pre priemysel. Je preto dôležité porozumieť a ďalej rozvíjať zdroje na systematickú charakterizáciu semien. Toto úsilie sme zhrnuli v prehľadnom článku, ktorý sme publikovali v roku 2011 v časopise *Journal of Proteomics* (Miernyk & Hajdich, 2011).

2 CIELE PRÁCE

Vývinové procesy pri rastlinách sú detailne popísané. Stále ale máme medzery v porozumení jeho regulácie. Napríklad, aké metabolické procesy a kedy sú aktívne počas vývinu semena? Aká je regulácia procesov ovplyvňujúcich množstvo proteínov, oleja alebo škrobu v zrelých semenách? Vedeli by sme modifikovať vývin semena tak, aby sme získali zrelé semeno so zvýšeným obsahom oleja alebo inou skladbou proteínov? Odpovede na všetky tieto otázky nás iba čakajú a môžu mať výrazne pozitívne dopady na poľnohospodárstvo.

Proteomika, postgenomická metóda schopná kvantitatívnej analýzy stoviek proteínov, prešla od roku 2000 búrlivým vývojom. Tento vývoj išiel ruka v ruke s technologickým pokrokom, hlavne v oblasti hmotnostnej spektrometrie, ktorá slúži na identifikáciu a kvantifikáciu proteínov. Proteomika sa javí ako ideálna metóda, pomocou ktorej by bolo možné presne ocharakterizovať množstvá proteínov a ich zmeny počas vývinu semena. Mohla pomôcť aj pri špecifikácii zmien počas vývinu semena, ku ktorým pravdepodobne dochádza pri adaptácii rastlín na rôzne environmentálne faktory. Tieto zmeny totiž často vyústia v zmenené zloženie zásobných látok zrelých semien (Stevenson a kol., 2012). Takéto vedomosti by mohli byť dôležité pri následnom výskume zmien zvýšenia obsahu oleja alebo proteínov v zrelých semenách. Tieto myšlienky sú zhrnuté do nasledovných hlavných cieľov predloženej práce:

1. Výskum molekulárnej fyziológie vývinu semena pomocou charakterizácie akumulácie proteínov a ich zmien počas vývinu semien olejných rastlín
2. Výskum obsahu klinicky relevantných proteínov zrelého semena a možnosti ovplyvnenia ich zloženia
3. Výskum zmien v molekulárnej fyziológii semien použitím proteomickej metodiky pri rastlinách adaptujúcich sa na rádioaktívne prostredie v okolí Černobyľskej jadrovej elektrárne na Ukrajine

3 MATERIÁL A METODIKY

Rastliny sóje (*Glycine max* L., odroda Maverick) a ricínu (*Ricinus communis*) sme pestovali v skleníku v meste Columbia, Missouri v USA. Nezrelé bôby sme zbierali v štádiách 2, 3, 4, 5 a 6 týždňov po kvitnutí vždy medzi 13:00 a 15:00 hodinou. Rastliny repky olejnej (*Brassica napus*, odroda Reston) a arábovky (*Arabidopsis thaliana*, odroda Columbia) sme pestovali v rastovej komore. Nezrelé semená repky olejnej sme zberali presne 2, 3, 4, 5 a 6 týždňov po kvitnutí v prostriedku svetelného cyklu. Nezrelé semená arábovky sme zbierali 5, 7, 9, 11 a 13 dní po kvitnutí. Na analýzu klinicky relevantných proteínov obsiahnutých v pšeničnom zrne sme použili chlebovú odrodu Viginta, ktorú sme získali od firmy Selekt Bučany.

Proteíny z vyvíjajúcich sa a zreých semien sóje, ľanu, repky olejnej, ricínu a arábovky sme izolovali podľa Hurkmana a Tanaku (Hurkman & Tanaka, 1986) s modifikáciami, ako sme detailne opísali v práci analýzy vývinu sójového bôbu publikovanej v *Plant Physiology* (Hajduch a kol., 2005). Proteíny zo zreých pšeničných zŕn sme extrahovali podľa van der Broecka (van den Broeck a kol., 2009). Koncentráciu proteínov sme stanovovali podľa Bradforda (Bradford, 1976). Kvantifikáciu proteínov sme vždy uskutočňovali v biologickom triplikáte s použitím hovädzieho sérového albumínu (BSA) ako štandardu. Analýzu proteínov pomocou 2-DE a analýzu gélov pomocou programu ImageMaster sme detailne popísali v našej práci publikovanej v *Plant Physiology* (Hajduch a kol., 2005).

Proteíny zo štúdie vývinu sójového bôbu sme identifikovali pomocou mapovania hmotností peptidov (PMF) (MALDI-TOF, Voyager-DE Pro, Applied Biosystems, Foster City, CA) tak, ako sme to detailne opísali v práci (Hajduch a kol., 2005). Proteíny zo štúdie vývinu semena repky olejnej, ricínu a arábovky sme identifikovali pomocou tandemovej hmotnostnej spektrometrie (MS/MS) v kombinácii s kvapalinovou chromatografiou (LC-MS/MS, ProteomeX LTQ, Thermo-Finnigan). Pri analýze semien zozbieraných v rádioaktívnej Černobyľskej oblasti, sme proteíny identifikovali pomocou MS/MS a dátovo-nezávislej analýzy (MS^E) v kombinácii s kvapalinovou chromatografiou (LC-MS/MS, Q-TOF Premier, Waters, U.K.), tak ako sme uviedli v našich prácach (Danchenko a kol., 2009, Klubicová a

kol., 2010). Kvantitatívne stanovenie proteínov počas experimentu s klinicky relevantnými proteínmi pšeničného zrna sme vykonali pomocou MS^E (Q-TOF Premier, Waters, U.K.), ako je to popísane v našich prácach (Uvačková a kol., 2013b, Uvačková a kol., 2013a).

Dáta získané hmotnostnou spektrometriou sme spracovávali programami Protein Prospector (Hajduch a kol., 2005), BioWorks (Hajduch a kol., 2006), ProteinLynx Global Server (Dančenko a kol., 2009). Vnútrobučnú lokalizáciu identifikovaných proteínov sme uskutočňovali pomocou bioinformatických programov TargetP, iPSORT a Predotar, ako sme to podrobne popísali v našich prácach (Hajduch a kol., 2006, Klubicová a kol., 2013).

Izoláciu RNA, jej amplifikáciu, techniku DNA čipov (microarray) a štatistické modelovanie zhodnosti vývinových profilov sme podrobne popísali v našej práci publikovanej v *Plant Physiology* (Hajduch a kol., 2010).

4 VÝSLEDKY PRÁCE S UVEDENÍM NOVÝCH POZNATKOV

Primárny cieľ práce je charakterizovať proces vývinu semena. Základné výsledky sme zosumarizovali do šiestich pôvodných vedeckých prác uverejnených vo vedeckom časopise *Plant Physiology*. Výskum obsahu klinicky relevantných proteínov zrelého semena a možnosť ovplyvnenia ich zloženia sme zhrnuli do troch vedeckých prác publikovaných v časopisoch *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, *Journal of Proteome Research* a *Journal of Proteomics*. Tieto výsledky položili nevyhnutný teoretický a experimentálny základ na výskum zmien v molekulárnej fyziológii semien pri rastlinách rastúcich v rádioaktívnej Černobyľskej oblasti, čo je tretí cieľ predloženej práce. Černobyľský výskum tvorí súbor šiestich pôvodných vedeckých prác publikovaných v časopisoch *Journal of Proteome Research*, *Journal of Proteomics*, *Environmental Science and Technology*, *PLOS ONE* a *Phytochemistry*.

4.1 Vývin sójového bôbu

Vývin sójového bôbu sme charakterizovali pri nezrelých bôboch zozbieraných 2, 3, 4, 5 a 6 týždňov po kvitnutí. Použili sme vysokoúčinnú proteomickú techniku založenú na kombinácii 2-DE a hmotnostnej spektrometrie. Celkovo sme identifikovali 422 proteínov, ktoré sme zatriedili do 14 metabolických skupín. Najviac zastúpené boli proteíny asociované s metabolizmom, zásobnými látkami, transportom metabolitov a obranou voči patogénom. Celkovo sme pozorovali znižovanie abundancie metabolických proteínov a zvyšovanie abundancie zásobných proteínov počas vývinu bôbu (Hajduch a kol., 2005). V tejto práci sme vyvinuli charakterizáciu proteínov pomocou expresných vývinových profilov. V ďalšej práci sme tieto analýzy rozšírili za použitia modifikovanej proteomickej techniky založenej aj na „bezgélovej“ proteomike. Týmto spôsobom sme rozšírili počet identifikovaných proteínov až na číslo 478 (Agrawal a kol., 2008). Analýza týchto výsledkov ukázala, že iba 70 proteínov bolo nájdených aj pri 2-DE a „bezgélovej“ proteomike, čo naznačuje, že tieto dve proteomické techniky sú komplementárne a navzájom sa dopĺňujú.

4.2 Vývin semena repky olejnej

Vývin semena repky olejnej sme charakterizoval pri nezrelých semenách zozbieraných 2, 3, 4, 5 a 6 týždňov po kvitnutí (Hajduch a kol., 2006). Po vyizolovaní proteínov a ich analýze pomocou 2-DE elektroforézy expresné profily sme zostrojili pre celkovo 794 proteínových 2-DE škvŕn. Pomocou hierarchického klastrovania sme identifikovali 12 expresných trendov počas vývinu semena repky olejnej. Následne pomocou LC-MS/MS sme identifikovali 289 individuálnych proteínov, ktoré sme zatriedili do 14 funkčných kategórií. Najviac boli zastúpené proteíny asociované s energiou a metabolizmom. Výsledky poukazujú na koordinovanú expresiu proteínov počas vývinu semena. Tieto výsledky taktiež poukazujú na to, že metabolické využitie cukru od glukózy po koenzým A a jeho acylové deriváty sa uskutočňuje počas vývinu semena ako spolupráca cytosolickej a plastidovej glykolýzy a taktiež poukazujú na postrankripčnú reguláciu enzýmov na tejto biochemickej dráhe (Hajduch a kol., 2006).

4.3 Vývin semena ricínu

Vývin semena ricínu sme skúmali podobným spôsobom. Nezrelé semená sme zozbierali 2, 3, 4, 5 a 6 týždňov po kvitnutí a analyzovali s 2-DE v kombinácii s vyfarbovaním fluorescenčnými farbičkami „Cy-Dye“. Táto kombinácia techník umožnila stanoviť expresné profily pre 660 proteínových 2-DE škvŕn, z ktorých sme identifikovali 522 proteínov pomocou hmotnostnej spektrometrie (Houston a kol., 2009). Väčšina identifikovaných proteínov bola spojená so zásobnými látkami, energiou a metabolizmom. Podobnosť s výskumom vývinu sójového bôbu (Agrawal a kol., 2008) a semena repky olejnej (Hajduch a kol., 2006) umožnila vzájomné porovnanie metabolickej dráhy asimilácie uhlíka. Porovnaním výsledkov sme odhalili rozdiely v abundancii viacerých dôležitých enzýmov spojených s rôznymi krokmi glykolytickej metabolickej dráhy. Napríklad, že pri vývine ricínového semena sa detegovalo väčšie množstvo izoform dôležitého glykolytického enzýmu enoláza, v porovnaní s vývinom sójového bôbu alebo semena repky olejnej. Tieto výsledky poukazujú na to, že metabolizmus uhlíka a produkcia ATP a NADPH sa pri vývine ricínového semena líši od vývinu semien sója repky olejnej (Houston a kol., 2009).

4.4 Vývin semena arábovky

Pri výskume vývinu semena arábovky sme využili skutočnosť, že sa jedná o modelovú rastlinu s dostupnosťou plne sekvenovaného genómu a komplexných proteínových databáz. Z piatich vývinových štádií (5, 7, 9, 11 a 13 dní po kvitnutí) sa vyzolovala RNA a proteíny, ktoré sa použili v následných analýzach (Hajduch a kol., 2010). Hlavným cieľom práce bolo charakterizovať molekulárnu fyziológiu vývinu semena arábovky a porovnať abundanciu proteínov získaných proteomikou s abundanciou transkriptov získaných technikou DNA čipov (microarray). Týmito technikami sme stanovili expresné profily pre 523 proteínov a 22,746 transkriptov počas vývinu semena arábovky. Po spárovaní sme vytvorili 319 proteín/transkript párov. Ich analýzou za použitia všeobecného lineárneho modelovania sme zistili, že 56% týchto párov je v súlade, čiže profil transkriptu počas vývinu semena súhlasí s profilom

príslušného proteínu. Štúdia zároveň poukázala na niektoré špecifické nesúlady medzi abundanciou transkriptu a príslušného proteínu (Hajduch a kol., 2010).

4.5 Analýza alergénnych proteínov

Aj keď skladba proteínov v pšeničnom zrne je už dlho známa (Osborne, 1924), stále ale nie sú známe presné údaje o celkových množstvách proteínov a o ich pomeroch. Obzvlášť to platí pri klinicky relevantných proteínoch spojených s rôznymi intoleranciami a alergiami. Väčšina pšeničných proteínov sú glutény, ktoré sa ešte rozdeľujú na základe ich elektroforetickej mobility na gliadíny (GliA) a gluteníny (Glu) (Payne a kol., 1985, Marek a kol., 1985, Jacobsen a kol., 2007). V pšeničnom zrne GliA a Glu sú často spájané s celiakiou a rôznymi alergiami (Rashtak & Murray, 2012, Sapone a kol., 2012). V našej práci sme sa zamerali na aplikáciu „bezgélovej“ kvantitatívnej proteomiky na stanovenie presných množstiev GliA a Glu (Uvačková a kol., 2013a). S použitím špeciálnej hmotnostnej spektrometrie (MS^E) sme stanovili presné množstvá 34 GliA 22 Glu proteínov v extrakte z pšeničného zrna. Medzi stanovenými proteínmi boli aj proteíny asociované s celiakiou a pekárskou astmou (Uvačková a kol., 2013a). Tento fakt nás inšpiroval k zameraniu sa iba na alergénne proteíny. Za použitia rovnakej metodiky ale modifikovaného bioinformatického prístupu sme kvantifikovali celkovo 15 alergénnych proteínov, ako napríklad inhibítorov amylázy/trypsínu, γ -gliadínov, alebo vysoko a nízko hmotnostných glutenínov (Uvačková a kol., 2013b). Tieto proteíny zapríčiňujú celiakiu, cvičením indukovanú anafylaxiu, atopickú dermatitídu a rôzne potravinové alergie.

Uvedené dve práce poskytli vedecký základ na ďalší vývoj metodiky na stanovenie klinicky relevantných proteínov v pšeničnom zrne.

4.6 Výskum zníženia obsahu alergénnych proteínov

Dôležitou časťou nášho výskumu alergénnych proteínov bola cielená úprava rastlín za účelom zníženia produkcie alergénnych proteínov. Geneticky sme upravili podzemnicu

olejnú na produkciu arašidov so zníženou abundanciou dvoch hlavných alergénov Ara h 2 a Ara h 6 (Chu a kol., 2008). Za týmto účelom sme použili genetickú transformáciu podzemnice olejnej pomocou balistickej transformácie (bombardovanie mikro-projektilovými časticami). Celkovo sme izolovali tri transgénné línie podzemnice olejnej, z ktorých dve vykazovali jednu kópiu transgénu a jedna línia vykazovala viaceré kópie. Abundancia alergénu Ara h 2 bola signifikantne znížená vo všetkých troch transgénnych líniách. Abundancia Ara h 6 bola signifikantne znížená iba v dvoch líniách. Expresia alergénov Ara h 2 a Ara h 3 nebola v transgénnych líniách ovplyvnená. Tieto dáta vo všeobecnosti poukazujú na to, že umlčanie expresie Ara h 2 a Ara h 6 je schodná cesta produkcie hypoalergénnych arašidov (Chu a kol., 2008).

4.7 Zmeny v molekulárnej fyziológii vývinu semien v rádioaktívnej Černobyľskej oblasti

Výsledky nadobudnuté počas výskumu molekulárnej fyziológie semien (4.1) poskytli teoretický a experimentálny základ pre štúdium zmien v molekulárnej fyziológii semien v oblastiach zaťažených environmentálnymi stresovými faktormi. Jedna z takýchto oblastí je aj územie okolo Černobyľskej jadrovej elektrárne, kde došlo 26. apríla 1986 k nehode na štvrtom bloku elektrárne. Nehoda spôsobila vypustenie obrovského množstva rádioaktivity do atmosféry, ktorá kontaminovala nielen okolie elektrárne, ale aj rozsiahle územia Európy. Aj keď väčšina rádioaktívnych prvkov sa už rozložila, územie okolo jadrovej elektrárne stále zostáva kontaminované rádioizotopmi s dlhým polčasom rozpadu, ako napríklad ^{90}Sr alebo ^{137}Cs (Moller & Mousseau, 2006). Aj napriek očakávaniam rastlinstvo v oblasti kontaminovanej rádioaktivitou sa dokázalo prispôbiť (Boubriak a kol., 2008). Oficiálna správa Spojených národov uvádza, že ekosystém v rádioaktívnej Černobyľskej oblasti sa dostal späť do „prirodzenej“ formy (IAEA, 2005). Aj napriek vyše 80-ročnej tradícii výskumu vplyvu ionizačného žiarenia na rastliny (Fuller, 1930), úspešné prispôbenie rastlín rádioaktívnemu prostrediu v okolí Černobyľskej jadrovej elektrárne sa neočakávalo. Vo všeobecnosti je známe, že rastliny vystavené ionizujúcemu žiareniu ochraňujú svoj genóm

pomocou metylácie (Kovalchuk a kol., 2003). Ale aj napriek DNA metylácii rastliny rastúce v rádioaktívnej Černobyľskej oblasti, vykazujú mutácie (Kovalchuk a kol., 2000). Taktiež výsledky analýzy borovíc v Černobyľskej oblasti, poukázali na poškodenie ich DNA (Kuchma a kol., 2011) a na vyššiu nukleotidovú rôznorodosť v génoch katalázy a glutatión peroxidázy (Vornam a kol., 2012).

Nakoľko väčšina týchto štúdií sa uskutočnila na úrovni DNA, ďalším krokom k porozumeniu, ako sa rastliny dokázali adaptovať na rádioaktívne prostredie, je štúdium zmien na proteínovej úrovni. Vybrali sme post-genomickú metodiku proteomiku založenú na kombinácii 2-DE a LC-MS/MS, ktorá je schopná kvantitatívne analyzovať až stovky proteínov v jednej vzorke. Za účelom zberu rastlinného materiálu sme vytvorili dve experimentálne plochy. Kontrolná experimentálna plocha bola založená priamo v meste Černobyľ, v oblasti remediovej od rádioaktivity. Rádioaktívna experimentálna plocha bola založená približne 5 km od havarovaného reaktora. V roku 2007 sme na experimentálnych plochách vysadili lokálne odrody sóje (*Glycine max* [L.], odroda Soniachna) a ľanu (*Linum ussitatissimum*, L.; odroda Kyivskyyi), ktorých zrelé a vyvíjajúce sa semená každoročne zbierame a analyzujeme v nich obsiahnuté proteíny a DNA. Naše výsledky sme zhrnuli so súboru šiestich pôvodných vedeckých prác.

4.7.1 Vývin sójového bôbu v rádioaktívnom černobyľskom prostredí

Začali sme analýzou proteínov v zrelých sójových bôboch prvej generácie, ktoré boli zozbierané v roku 2007. Hlavným cieľom bolo porovnať množstvá proteínov v zrelých bôboch zozbieraných z rádioaktívnej a kontrolnej experimentálnej plochy. Celkovo sme kvantifikovali 698 proteínových 2-DE škvŕn, z ktorých bolo 8.2% rozdielne abundantných na základe štatistickej analýzy (Danchenko a kol., 2009). Tieto proteíny sme vyrezali z 2-DE gélov a identifikované pomocou hmotnostnej spektrometrie. Identifikované proteíny sme zatriedili do šiestich metabolických skupín. Najviac proteínov bolo asociovaných so zásobnými proteínmi a s proteínmi spojenými s obranou a odolnosťou voči chorobám. Na

základe týchto výsledkov sme navrhli pracovný model adaptácie sóje na rádioaktívne prostredie v okolí Černobyľskej jadrovej elektrárne. Tento pracovný model poukazuje na zapojenie mechanizmov súvisiacich s adaptáciou na ťažké kovy, ochrany voči žiareniu a mobilizáciou zásobných proteínov do procesu adaptácie rastlín v rádioaktívnej Černobyľskej oblasti (Danchenko a kol., 2009).

Pri druhej generácii zozbieranej v roku 2008 sme sa zamerali na analýzu vyvíjajúcich sa sójových bôbov. Nezrelé sójové bôby sme zbierali 4, 5 a 6 týždňov po kvitnutí z kontrolnej a rádioaktívnej experimentálnej černobyľskej plochy a porovnávali sme abundanciu proteínov. Celkovo sme ocharakterizovali 211 proteínov (Klubicová a kol., 2012a). Tieto výsledky potvrdili údaje získané z prvej generácie o zapojení procesov súvisiacich s adaptáciou na ťažké kovy a s mobilizáciou zásobných proteínov do procesu adaptácie. Navyše tieto výsledky odhalili, že počas procesu adaptácie rastlín na podmienky rádioaktívneho prostredia dochádza aj k úprave metabolizmu uhlíka v cytoplazme a plastidoch, k zvýšenej aktivite Krebsovho cyklu a k zníženej kondenzácii malonyl-acyl proteínu počas biosyntézy mastných kyselín (Klubicová a kol., 2012a).

4.7.2 Vývin ľanového semena v rádioaktívnom černobyľskom prostredí

Výsledky získané pri sóji sme overili pri ďalšej rastline. Vybrali sme ľan, ktorý je dôležitou technickou plodinou, hlavne pre relatívne vysoký obsah oleja v semenách. Pri prvej generácii sme analyzovali zrelé semená zozbierané z rádioaktívnej oblasti a porovnávali zloženie proteínov so semenami z kontrolnej experimentálnej plochy (Klubicová a kol., 2010). Kvantifikovali sme 720 proteínových škvŕn, z ktorých 35 bolo štatisticky signifikantne rozdielne abundantných medzi semenami z oboch experimentálnych plôch. Tieto proteínové škvŕny sme vyrezali z 2-DE gélov a identifikovali pomocou MS. Z identifikovaných proteínov bolo najviac asociovaných so signálnymi dráhami a transkripciou. Na základe týchto výsledkov sme navrhli pracovný model adaptácie ľanu na rádioaktívne prostredie v okolí Černobyľskej jadrovej elektrárne. Tieto výsledky poukazujú na to, že rastliny rastúce

v rádioaktívnom černo-byľskom prostredí vykazujú malé zmeny v rôznych signálnych dráhach (Klubíková a kol., 2010).

Pri analýze druhej generácie sme sa zamerali na analýzu zrelých semien a nezrelých semien v procese vývinu, ktoré sme zozbierali z experimentálnych plôch v roku 2008. Najprv sme vytvorili proteínovú mapu zrelých semien ľanu zozbieraných z kontrolnej experimentálnej plochy (Klubíková a kol., 2011a). Vytvorená proteínová mapa obsahuje 318 kvantifikovaných 2-DE škvŕn, z ktorých bolo identifikovaných 85 proteínov, ktoré boli zatriedené do 11 funkčných kategórií. Najviac proteínov bolo zatriedených do skupiny proteínov s neurčitou klasifikáciou a proteínov spojených s energetickými a metabolickými procesmi (Klubíková a kol., 2011a). V následnom kroku sme proteínovú mapu rozšírili o dáta mapujúce abundancie proteínov počas vývinu ľanového semena v kontrolnej experimentálnej oblasti (Klubíková a kol., 2011b). Za týmto účelom sme zozbierali vyvíjajúce sa semená v štúdiách 4, 5 a 6 týždňov po kvitnutí. Celkovo sme kvantifikovali 379 2-DE škvŕn, z ktorých sme identifikovali 102 proteínov pomocou MS. Tieto proteíny boli zatriedené do 11 metabolických skupín. Podobne ako pri proteínov zrelého semena, najviac proteínov obsahovala skupina proteínov s neistou klasifikáciou (Klubíková a kol., 2011b). Tieto dáta sme následne využili pri porovnávaní abundancie proteínov počas vývinu ľanových semien druhej generácie (2, 4 a 6 týždňov po kvitnutí) medzi oboma experimentálnymi plochami (Klubíková a kol., 2013). Týmto spôsobom sme celkovo kvantifikovali 199 proteínových škvŕn, z ktorých bolo 79 identifikovaných pomocou MS. Tieto dáta poukazujú na to, že v skorých štádiách vývinu ľanového semena v rádioaktívnej oblasti sa zvyšuje abundancia proteínov spojených so syntézou pyruvátu cez cytosolickú glykolýzu, dekarboxyláciu L-malátu, dehydrogenáciu izocitrátu a oxidáciu etanolu na acetaldehyd. Tieto zmeny boli nasledované zvýšenou abundanciou ketoacyl syntázy I, ktorá je spojená s kondenzáciou malonyl-ACP do predlžujúceho sa reťazca mastných kyselín (Klubíková a kol., 2013).

5 ZÁVERY A PERSPEKTÍVY DO BUDÚCNOSTI

Ciele predloženej práce boli splnené. Výskum popísaný v súbore vedeckých článkov publikovaných v *Plant Physiology* detailne charakterizoval biochemické procesy odohrávajúce sa počas vývinu semena (cieľ 1). Súbor ďalších prác popisuje metodiku na stanovenie obsahu klinicky relevantných proteínov obsiahnutých v pšeničnom zrne a poukazuje na možnosť ovplyvnenia proteínového zloženia zreých semien pomocou genetického inžinierstva (cieľ 2). Následne, za využitia nadobudnutých poznatkov, sme charakterizovali zmeny počas vývinu semien pri rastlinách, ktoré sa prispôsobujú rádioaktívnemu prostrediu v okolí Černobyľskej jadrovej elektrárne na Ukrajine (cieľ 3). Hlavným záverom tejto časti predloženej práce je pracovný model adaptácie rastlín na rádioaktívne prostredie v Černobyľskej oblasti (Klubicová a kol., 2013). Tento model využíva poznatky získané pri analýze dvoch generácií zreých a vyvíjajúcich sa semien zozbieraných z černobyľských experimentálnych plôch v dvoch po sebe nasledujúcich generáciách sóje a ľanu.

Analýzy poukázali na skutočnosť, že sója a ľan reagujú na rádioaktívne prostredie v Černobyľskej oblasti rozdielne (Danchenko a kol., 2009, Klubicová a kol., 2013, Klubicová a kol., 2012a, Klubicová a kol., 2010). Napriek týmto rozdielom zmeny viedli v oboch prípadoch k modifikácii obsahu oleja v zreých semenách. Veľmi zaujímavé je, že pri sóji došlo k zníženiu obsahu oleja (Klubicová a kol., 2012a), zatiaľ čo pri ľane, naopak, k zvýšeniu obsahu oleja v zreých semenách (Klubicová a kol., 2013).

Naše súčasné experimenty sa pokúšajú poodhaliť príčinu zmeneného obsahu oleja. Napríklad analýzou génových mutácií, ktoré by mohli obsahovať gény desaturáz mastných kyselín (FAD), ktoré patria ku kľúčovým enzýmom biosyntézy mastných kyselín. Ďalšie experimenty sa zameriavajú na celkovú genetickú analýzu pomocou analýzy polymorfizmu dĺžky amplifikovaných fragmentov (AFLP). Predbežné výsledky poukazujú na skutočnosť, že v rádioaktívnej Černobyľskej oblasti sa vytvorili počas šiestich generácií populácie sóje

a ľanu, ktoré sú geneticky odlišné od originálnych odrôd, ktoré boli vysadené v našich experimentálnych plochách v roku 2007.

6 ZOZNAM CITOVANEJ LITERATÚRY

- Adams P, Fowler R, Howell G, *a kol.*, 1999. Defining protease specificity with proteomics: A protease with a dibasic amino acid recognition motif is regulated by a two-component signal transduction system in Salmonella. *Electrophoresis* **20**, 2241-7.
- Agrawal GK, Hajduch M, Graham K, Thelen JJ, 2008. In-depth investigation of the soybean seed-filling proteome and comparison with a parallel study of rapeseed. *Plant Physiology* **148**, 504-18.
- Alexandrov MG, Ln; Krasnov, Nv; Nikolaev, Vi; Pavlenko, Va; Shkurov Va 1984. Ion extraction from solutions at atmospheric pressure — a method for mass-spectrometric analysis for mass-spectrometric analysis of bioorganic substances. . *Dokl. Akad. Nauk SSSR* **277**, 379-83.
- Angelovici R, Galili G, Fernie AR, Fait A, 2010. Seed desiccation: a bridge between maturation and germination. *Trends in Plant Science* **15**, 211-8.
- Baker G, 2006. *The agricultural revolution in prehistory: why did foragers become farmers?* . Oxford Univ. Press, Oxford.
- Barrett SCH, 2010. Darwin's legacy: the forms, function and sexual diversity of flowers. *Philosophical Transactions of the Royal Society B-Biological Sciences* **365**, 351-68.
- Bewley JDB, M., 1994. *Seeds : Physiology of Development and Germination*. New York, London,,: Plenum Press.
- Borges F, Gomes G, Gardner R, *a kol.*, 2008. Comparative transcriptomics of Arabidopsis sperm cells. *Plant Physiology* **148**, 1168-81.
- Boubriak II, Grodzinsky DM, Polischuk VP, *a kol.*, 2008. Adaptation and impairment of DNA repair function in pollen of *Betula verrucosa* and seeds of *Oenothera biennis* from differently radionuclide-contaminated sites of Chernobyl. *Annals of Botany* **101**, 267-76.
- Bradford MM, 1976. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Analytical biochemistry* **72**, 248-54.
- Corbett JM, Dunn MJ, Posch A, Gorg A, 1994. POSITIONAL REPRODUCIBILITY OF PROTEIN SPOTS IN 2-DIMENSIONAL POLYACRYLAMIDE-GEL ELECTROPHORESIS USING IMMOBILIZED PH GRADIENT ISOELECTRIC-FOCUSING IN THE FIRST DIMENSION - AN INTERLABORATORY COMPARISON. *Electrophoresis* **15**, 1205-11.
- Danchenko M, Skultety L, Rashydov NM, *a kol.*, 2009. Proteomic Analysis of Mature Soybean Seeds from the Chernobyl Area Suggests Plant Adaptation to the Contaminated Environment. *Journal of Proteome Research* **8**, 2915-22.
- Dumas C, Rogowsky P, 2008. Fertilization and early seed formation. *Comptes Rendus Biologies* **331**, 715-25.
- Eastmond PJ, Graham IA, 2001. Re-examining the role of the glyoxylate cycle in oilseeds. *Trends in Plant Science* **6**, 72-7.
- Fuller HJ, 1930. STIMULATORY EFFECTS OF ULTRA-VIOLET RADIATION UPON HIGHER PLANTS. *Science (New York, N.Y.)* **72**, 535-6.
- Hajduch M, Casteel JE, Hurrelmeyer KE, Song Z, Agrawal GK, Thelen JJ, 2006. Proteomic analysis of seed filling in *Brassica napus*. Developmental characterization of metabolic isozymes using high-resolution two-dimensional gel electrophoresis. *Plant Physiology* **141**, 32-46.
- Hajduch M, Ganapathy A, Stein JW, Thelen JJ, 2005. A systematic proteomic study of seed filling in soybean. Establishment of high-resolution two-dimensional reference maps, expression profiles, and an interactive proteome database. *Plant Physiology* **137**, 1397-419.
- Hajduch M, Hearne LB, Miernyk JA, *a kol.*, 2010. Systems Analysis of Seed Filling in Arabidopsis: Using General Linear Modeling to Assess Concordance of Transcript and Protein Expression. *Plant Physiology* **152**, 2078-87.
- Hajduch M, Matusova R, Houston NL, Thelen JJ, 2011. Comparative proteomics of seed maturation in oilseeds reveals differences in intermediary metabolism. *Proteomics* **11**, 1619-29.
- Hochholdinger F, Sauer M, Dembinsky D, *a kol.*, 2006. Proteomic dissection of plant development. *Proteomics* **6**, 4076-83.
- Houston NL, Hajduch M, Thelen JJ, 2009. Quantitative Proteomics of Seed Filling in Castor: Comparison with Soybean and Rapeseed Reveals Differences between Photosynthetic and Nonphotosynthetic Seed Metabolism. *Plant Physiology* **151**, 857-68.

- Hurkman WJ, Tanaka CK, 1986. SOLUBILIZATION OF PLANT MEMBRANE-PROTEINS FOR ANALYSIS BY TWO-DIMENSIONAL GEL-ELECTROPHORESIS. *Plant Physiology* **81**, 802-6.
- Chen M, Mooney BP, Hajduch M, *a kol.*, 2009. System Analysis of an Arabidopsis Mutant Altered in de Novo Fatty Acid Synthesis Reveals Diverse Changes in Seed Composition and Metabolism. *Plant Physiology* **150**, 27-41.
- Chu Y, Faustinelli P, Laura Ramos M, *a kol.*, 2008. Reduction of IgE Binding and Nonpromotion of *Aspergillus flavus* Fungal Growth by Simultaneously Silencing Ara h 2 and Ara h 6 in Peanut. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* **56**, 11225-33.
- Iaea W, Undp, 2005. Chernobyl Forum. Chernobyl: The True Scale of the Accident. 20 Years Later a UN Report Provides Definitive Answers and Ways to Repair Lives. *IAEA, WHO, UNDP*.
- Ilsley GR, Luscombe NM, Apweiler R, 2009. Know your limits: Assumptions, constraints and interpretation in systems biology. *Biochimica Et Biophysica Acta-Proteins and Proteomics* **1794**, 1280-7.
- Jacobsen S, Grove H, Jensen KN, *a kol.*, 2007. Multivariate analysis of 2-DE protein patterns - Practical approaches. *Electrophoresis* **28**, 1289-99.
- James MG, Denyer K, Myers AM, 2003. Starch synthesis in the cereal endosperm. *Current Opinion in Plant Biology* **6**, 215-22.
- Jensen ON, Wilm M, Shevchenko A, Mann M, 1999. Sample preparation methods for mass spectrometric peptide mapping directly from 2-DE gels. *2-D Proteome Analysis Protocols* **112**, 513-30.
- Klose J, 1975. Protein mapping by combined isoelectric focusing and electrophoresis of mouse tissues. A novel approach to testing for induced point mutations in mammals. *Humangenetik* **26**, 231-43.
- Klubicová K, Bercak M, Danchenko M, *a kol.*, 2011a. Agricultural recovery of a formerly radioactive area: I. Establishment of high-resolution quantitative protein map of mature flax seeds harvested from the remediated Chernobyl area. *Phytochemistry* **72**, 1308-15.
- Klubicová K, Danchenko M, Skultety L, *a kol.*, 2011b. Agricultural recovery of a formerly radioactive area: II. Systematic proteomic characterization of flax seed development in the remediated Chernobyl area. *Journal of Proteomics* **74**, 1378-84.
- Klubicová K, Danchenko M, Skultety L, Berezchna VV, Rashydov NM, Hajduch M, 2013. Radioactive Chernobyl Environment Has Produced High-Oil Flax Seeds That Show Proteome Alterations Related to Carbon Metabolism during Seed Development. *Journal of Proteome Research* **12**, 4799-806.
- Klubicová K, Danchenko M, Skultety L, *a kol.*, 2012a. Soybeans Grown in the Chernobyl Area Produce Fertile Seeds that Have Increased Heavy Metal Resistance and Modified Carbon Metabolism. *Plos One* **7**.
- Klubicová K, Danchenko M, Skultety L, *a kol.*, 2010. Proteomics Analysis of Flax Grown in Chernobyl Area Suggests Limited Effect of Contaminated Environment on Seed Proteome. *Environmental Science & Technology* **44**, 6940-6.
- Klubicová K, Vesel M, Rashydov NM, Hajduch M, 2012b. Seeds in Chernobyl: the database on proteome response on radioactive environment. *Frontiers in plant science* **3**, 3.
- Kovalchuk O, Burke P, Arkhipov A, *a kol.*, 2003. Genome hypermethylation in *Pinus silvestris* of Chernobyl - a mechanism for radiation adaptation? *Mutation Research-Fundamental and Molecular Mechanisms of Mutagenesis* **529**, 13-20.
- Kovalchuk O, Dubrova YE, Arkhipov A, Hohn B, Kovalchuk I, 2000. Germline DNA - Wheat mutation rate after Chernobyl. *Nature* **407**, 583-4.
- Kuchma O, Vornam B, Finkeldey R, 2011. Mutation rates in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) from the Chernobyl exclusion zone evaluated with amplified fragment-length polymorphisms (AFLPs) and microsatellite markers. *Mutation Research-Genetic Toxicology and Environmental Mutagenesis* **725**, 29-35.
- Marek J, Repka J, Hraska S, Bezo M. 1985. Subcellular aspects of the formation of aleurone grains in the endosperm of the wheat-grain. *Biologia* **40**, 3-7.
- Miernyk JA, Hajduch M, 2011. Seed proteomics. *Journal of Proteomics* **74**, 389-400.
- Miernyk JA, Pretova A, Olmedilla A, Klubicová K, Obert B, Hajduch M, 2011. Using proteomics to study sexual reproduction in angiosperms. *Sexual Plant Reproduction* **24**, 9-22.
- Moller AP, Mousseau TA, 2006. Biological consequences of Chernobyl: 20 years on. *Trends in Ecology & Evolution* **21**, 200-7.
- Napier JA, Stobart AK, Shewry PR, 1996. The structure and biogenesis of plant oil bodies: The role of the ER membrane and the oleosin class of proteins. *Plant Molecular Biology* **31**, 945-56.
- Neuhoff V, Arold N, Taube D, Ehrhardt W, 1988. IMPROVED STAINING OF PROTEINS IN POLYACRYLAMIDE GELS INCLUDING ISOELECTRIC-FOCUSING GELS WITH CLEAR

- BACKGROUND AT NANOGRAM SENSITIVITY USING COOMASSIE BRILLIANT BLUE G-250 AND R-250. *Electrophoresis* **9**, 255-62.
- O'farrell PH, 1975. High resolution two-dimensional electrophoresis of proteins. *The Journal of biological chemistry* **250**, 4007-21.
- Osborne T, 1924. *The vegetable proteins*. London: Longmans, Green & Co.
- Payne PI, Holt LM, Jarvis MG, Jackson EA, 1985. TWO-DIMENSIONAL FRACTIONATION OF THE ENDOSPERM PROTEINS OF BREAD WHEAT (TRITICUM-AESTIVUM) - BIOCHEMICAL AND GENETIC-STUDIES. *Cereal Chemistry* **62**, 319-26.
- Purugganan MD, Fuller DQ, 2009. The nature of selection during plant domestication. *Nature* **457**, 843-8.
- Purugganan MD, Fuller DQ, 2011. ARCHAEOLOGICAL DATA REVEAL SLOW RATES OF EVOLUTION DURING PLANT DOMESTICATION. *Evolution* **65**, 171-83.
- Rabilloud T, 2002. Two-dimensional gel electrophoresis in proteomics: Old, old fashioned, but it still climbs up the mountains. *Proteomics* **2**, 3-10.
- Rashtak S, Murray JA, 2012. Review article: coeliac disease, new approaches to therapy. *Alimentary Pharmacology & Therapeutics* **35**, 768-81.
- Rehm H, 2006. *Protein biochemistry and proteomics*. London: Academic Press.
- Sabelli PA, Larkins BA, 2009. The Development of Endosperm in Grasses. *Plant Physiology* **149**, 14-26.
- Sapone A, Bai JC, Ciacci C, *a kol.*, 2012. Spectrum of gluten-related disorders: consensus on new nomenclature and classification. *Bmc Medicine* **10**.
- Singh MB, Bhalla PL, 2007. Control of male germ-cell development in flowering plants. *Bioessays* **29**, 1124-32.
- Stevenson SE, Woods CA, Hong B, Kong X, Thelen JJ, Ladics GS, 2012. Environmental effects on allergen levels in commercially grown non-genetically modified soybeans: assessing variation across North America. *Frontiers in plant science* **3**.
- Thelen JJ, Ohlrogge JB, 2002. Both antisense and sense expression of biotin carboxyl carrier protein isoform 2 inactivates the plastid acetyl-coenzyme A carboxylase in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Journal* **32**, 419-31.
- Uvačková L, Skultety L, Bekesova S, McClain S, Hajdich M, 2013a. The MSE-proteomic analysis of gliadins and glutenins in wheat grain identifies and quantifies proteins associated with celiac disease and baker's asthma. *Journal of Proteomics* **93**, 65-73.
- Uvačková L, Skultety L, Bekesova S, McClain S, Hajdich M, 2013b. MSE Based Multiplex Protein Analysis Quantified Important Allergenic Proteins and Detected Relevant Peptides Carrying Known Epitopes in Wheat Grain Extracts. *Journal of Proteome Research* **12**, 4862-9.
- Van Den Broeck HC, America AHP, Smulders MJM, *a kol.*, 2009. A modified extraction protocol enables detection and quantification of celiac disease-related gluten proteins from wheat. *Journal of Chromatography B-Analytical Technologies in the Biomedical and Life Sciences* **877**, 975-82.
- Varhaníková MU, L; Skultety, L; Pretova, a; Obert, ;, Hajdich, M, 2014. Comparative quantitative proteomic analysis of embryogenic and non-embryogenic calli in maize suggests the role of oxylipins in plant totipotency. *Journal of Proteomics* doi: **10.1016/j.jprot.2014.02.003**. .
- Vornam B, Arkhipov A, Finkeldey R, 2012. Nucleotide diversity and gene expression of Catalase and Glutathione peroxidase in irradiated Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) from the Chernobyl exclusion zone. *Journal of Environmental Radioactivity* **106**, 20-6.
- Wilkins MR, Sanchez JC, Gooley AA, *a kol.*, 1996. Progress with proteome projects: Why all proteins expressed by a genome should be identified and how to do it. *Biotechnology and Genetic Engineering Reviews, Vol 13* **13**, 19-50.
- Wolters DA, Washburn MP, Yates JR, 2001. An automated multidimensional protein identification technology for shotgun proteomics. *Analytical Chemistry* **73**, 5683-90.
- Yates JR, Eng JK, McCormack AL, 1995a. MINING GENOMES - CORRELATING TANDEM MASS-SPECTRA OF MODIFIED AND UNMODIFIED PEPTIDES TO SEQUENCES IN NUCLEOTIDE DATABASES. *Analytical Chemistry* **67**, 3202-10.
- Yates JR, Eng JK, McCormack AL, Schieltz D, 1995b. METHOD TO CORRELATE TANDEM MASS-SPECTRA OF MODIFIED PEPTIDES TO AMINO-ACID-SEQUENCES IN THE PROTEIN DATABASE. *Analytical Chemistry* **67**, 1426-36.
- Zik M, Irish VF, 2003. Flower development: Initiation, differentiation, and diversification. *Annual Review of Cell and Developmental Biology* **19**, 119-40.

7 ZOZNAM PUBLIKOVANÝCH PRÁČ AUTORA POUŽITÝCH V DIZERTÁCII

1. Varhanikova M, Uvackova L, Skultety L, Pretova A, Obert B, Hajduch M. 2014. Comparative quantitative proteomic analysis of embryogenic and non-embryogenic calli in maize suggests the role of oxylipins in plant totipotency. *J Proteomics* (v tlači)
1. Klubicová K, Danchenko M, Skultety L, Berezhna V, Rashydov NM, Hajduch M. 2013. Radioactive Chernobyl environment has produced high-oil flax seeds that show proteome alterations related to carbon metabolism during seed development. *J Proteome Res.* 12(11):4799-806
2. Uvackova L, Skultety L, Bekesova S, McClain S, Hajduch M. 2013. MSE based multiplex protein analysis quantified important allergenic proteins and detected relevant peptides carrying known epitopes in wheat grain extracts. *J Proteome Res.* 12(11):4862-9
3. Uvackova L, Skultety L, Bekesova S, McClain S, Hajduch M. 2013. The MSE-proteomics analysis of gliadins and glutenins in wheat grain identifies and quantifies proteins associated with celiac disease and Baker's asthma. *J Proteomics* 20;93:65-73
4. Klubicová K, Danchenko M, Skultety L, Berezhna VV, Uvačková L, Rashydov NM, Hajduch M. 2012. Soybeans grown in the Chernobyl area produce fertile seeds that have increased heavy metal resistance and modified carbon metabolism. *PLoS One*, 7(10): e48169
5. Klubicová K, Vesel M, Rashydov NM, Hajduch M. 2012. Seeds in Chernobyl: the database on proteome response on radioactive environment. *Front Plant Sci.* 3:231
6. Klubicova K, Danchenko M, Skultety L, Berezhna VV, Hricova A, Rashydov NM, Hajduch M. 2011. Agricultural recovery of a formerly radioactive area: II. Systematic proteomic characterization of flax seed development in the remediated Chernobyl area. *J Proteomics.* 74:1378-84.
7. Hajduch M, Matusova R, Houston NL, Thelen JJ. 2011. Comparative proteomics of seed maturation in oilseeds reveals differences in intermediary metabolism. *Proteomics* 11(9):1619-29
8. Miernyk JA, Hajduch M. 2011. Seed proteomics. *J Proteomics.* 74:389-400
9. Klubicová K, Berčák M, Danchenko M, Skultety L, Rashydov NM, Berezhna VV, Miernyk JA, Hajduch M. 2011. Agricultural recovery of a formerly radioactive area: I. Establishment of high-resolution quantitative protein map of mature flax seeds harvested from the remediated Chernobyl area. *Phytochemistry* 72:1308-15
10. Miernyk JA, Preťová A, Olmedilla A, Klubicová K, Obert B, Hajduch M, 2011. Using Proteomics to Study Sexual Reproduction in Angiosperms. *Sex Plant Reprod.* 24:9–22
11. Klubicová K, Danchenko M, Skultety L, Miernyk JA, Rashydov NM, Berezhna VV, Preťová A, Hajduch M. (2010) Proteomics Analysis of Flax Grown in Chernobyl Area Suggests Limited Effect of Contaminated Environment on Seed Proteome. *Environ Sci Technol.* 44, 6940-6946.
12. Hajduch M, Hearne LB, Miernyk JA, Casteel JE, Joshi T, Agrawal GK, Song Z, Zhou M, Xu D, Thelen JJ (2010) Systems analysis of seed filling in Arabidopsis: using general linear modeling to assess concordance of transcript and protein expression. *Plant Physiol.* 152(4):2078-87
13. Houston NL, Hajduch M, Thelen JJ (2009) Quantitative Proteomics of Seed Filling in Castor: Comparison with Soybean and Rapeseed Reveals Differences between Photosynthetic and Non-photosynthetic Seed Metabolism. *Plant Physiol.* 151:857-68
14. Danchenko M, Skultety L, Rashydov NM, Berezhna VV, Mátel L, Salaj T, Preťová A, Hajduch M (2009) Proteomic analysis of mature soybean seeds from the Chernobyl area suggests plant adaptation to the contaminated environment. *J Proteome Res.* 8: 2915-22
15. Chen M, Mooney BP, Hajduch M, Casteel JE, Joshi T, Zhou M, Xu D, Thelen JJ (2009) System analysis of an Arabidopsis mutant altered in de novo fatty acid synthesis reveals diverse changes in seed composition and metabolism. *Plant Physiol* 150(1):27-41
16. Chu Y, Faustinelli P, Ramos ML, Hajduch M, Stevenson S, Thelen JJ, Maleki SJ, Cheng H, Ozias-Akins P (2008) Reduction of IgE Binding and Nonpromotion of *Aspergillus flavus* Fungal Growth by Simultaneously Silencing Ara h 2 and Ara h 6 in Peanut. *J Agric Food Chem* 56(23): 11225-11233
17. Agrawal GK, Hajduch M, Graham K, Thelen JJ. (2008) In-Depth Investigation of Soybean Seed-Filling Proteome and Comparison with a Parallel Study of Rapeseed. *Plant Physiology* 148(1):504-18

18. Hajduch M, Casteel JE, Tang S, Hearne LB, Knapp S, Thelen JJ. (2007) Proteomic analysis of near-isogenic sunflower varieties differing in seed oil traits. *J Proteome Res* 6(8):3232-3241.
19. Hajduch M, Casteel JE, Hurrelmeyer KE, Song Z, Agrawal GK, Thelen JJ (2006) Proteomic analysis of seed filling in *Brassica napus*. Developmental characterization of metabolic isozymes using high-resolution two-dimensional gel electrophoresis. *Plant Physiology* 141, 32-46
20. Katavic V, Agrawal GK, Hajduch M, Harris SL, Thelen JJ (2006) Protein and lipid composition analysis of oil bodies from two *Brassica napus* cultivars. *Proteomics* 6, 4586-98.
21. Hajduch M, Ganapathy A, Stein WJ, Thelen JJ (2005) A systematic proteomic study of seed-filling in soybean: establishment of high-resolution two-dimensional reference maps, expression profiles, and an interactive proteome database. *Plant Physiology* 137, 1397-1419

8 PREHLAD CITAČNÉHO OHLASU NA PRÁCE AUTORA POUŽITÉ V DIZERTÁCII

(citácie podľa SCI)

Klubicová K, Danchenko M, Skultety L, Berezhna VV, Uvačková L, Rashydov NM, Hajduch M. 2012. Soybeans grown in the Chernobyl area produce fertile seeds that have increased heavy metal resistance and modified carbon metabolism. PLoS One, 7(10): e48169

Citácie:

1. Natarajan, S., Luthria, D., Bae, H., Lakshman, D. & Mitra, A. Transgenic Soybeans and Soybean Protein Analysis: An Overview. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 61, 11736-11743, doi:10.1021/jf402148e (2013).

Klubicova K, Danchenko M, Skultety L, Berezhna VV, Hricova A, Rashydov NM, Hajduch M. 2011. Agricultural recovery of a formerly radioactive area: II. Systematic proteomic characterization of flax seed development in the remediated Chernobyl area. J Proteomics. 74:1378-84.

Citácie:

2. Barvkar, V. T. a kol. Proteome Profiling of Flax (*Linum usitatissimum*) Seed: Characterization of Functional Metabolic Pathways Operating during Seed Development. *Journal of Proteome Research* 11, 6264-6276, doi:10.1021/pr300984r (2012).
3. D'Alessandro, A. & Zolla, L. We Are What We Eat: Food Safety and Proteomics. *Journal of Proteome Research* 11, 26-36, doi:10.1021/pr2008829 (2012)
4. Hajduch M, Matusova R, Houston NL, Thelen JJ. 2011. Comparative proteomics of seed maturation in oilseeds reveals differences in intermediary metabolism. *Proteomics* 11(9):1619-29

Miernyk JA, Hajduch M. 2011. Seed proteomics. J Proteomics. 74:389-400

Citácie:

5. Barvkar, V. T. a kol. Proteome Profiling of Flax (*Linum usitatissimum*) Seed: Characterization of Functional Metabolic Pathways Operating during Seed Development. *Journal of Proteome Research* 11, 6264-6276, doi:10.1021/pr300984r (2012).
6. D'Alessandro, A. & Zolla, L. We Are What We Eat: Food Safety and Proteomics. *Journal of Proteome Research* 11, 26-36, doi:10.1021/pr2008829 (2012).
7. Baracat-Pereira, M. C. a kol. Separomics applied to the proteomics and peptidomics of low-abundance proteins: Choice of methods and challenges - A review. *Genetics and Molecular Biology* 35, 283-291 (2012).
8. Huang, H., Moller, I. M. & Song, S.-Q. Proteomics of desiccation tolerance during development and germination of maize embryos. *Journal of Proteomics* 75, 1247-1262, doi:10.1016/j.jprot.2011.10.036 (2012).
9. Khoshroo, S. M. R., Khavarinejad, R., Baghizadeh, A., Fahimi, H. & Mohammadi, Z. N. Seed storage protein electrophoretic profiles in some Iranian date palm (*Phoenix dactylifera* L.) cultivars. *African Journal of Biotechnology* 10, 17793-17804, doi:10.5897/ajb11.2726 (2011).

10. Schmidt, M. A. a kol. Silencing of Soybean Seed Storage Proteins Results in a Rebalanced Protein Composition Preserving Seed Protein Content without Major Collateral Changes in the Metabolome and Transcriptome. *Plant Physiology* 156, 330-345, doi:10.1104/pp.111.173807 (2011).
11. Staszak, A. M. & Pawlowski, T. A. Forest tree research in post genomic era. Introduction to systems biology of broadleaves. *Dendrobiology* 68, 113-123 (2012).
12. Agrawal, G. K. a kol. Translational plant proteomics: A perspective. *Journal of Proteomics* 75, 4588-4601, doi:10.1016/j.jprot.2012.03.055 (2012).
13. Cristina Romero-Rodriguez, M., Maldonado-Alconada, A. M., Valledor, L. & Jorriin-Novo, J. V. in *Plant Proteomics: Methods and Protocols*, 2nd Edition Vol. 1072 *Methods in Molecular Biology* (eds J. V. JorriinNovo, S. Komatsu, W. Weckwerth, & S. Wienkoop) 379-389 (2014).
14. Li, W., Gao, Y., Xu, H., Zhang, Y. & Wang, J. A Proteomic Analysis of Seed Development in *Brassica campestris* L. *Plos One* 7, doi:10.1371/journal.pone.0050290 (2012).
15. Liu, H. a kol. Proteomic analysis of the seed development in *Jatropha curcas*: From carbon flux to the lipid accumulation. *Journal of Proteomics* 91, 23-40, doi:10.1016/j.jprot.2013.06.030 (2013).
16. Roan, S.-F. a kol. Establishment of the Optimal Conditions for Two-Dimensional Gel Electrophoresis of Papaya Seed Proteome. *Journal of the Faculty of Agriculture Kyushu University* 58, 239-246 (2013).
17. Wang, W.-Q., Moller, I. M. & Song, S.-Q. Proteomic analysis of embryonic axis of *Pisum sativum* seeds during germination and identification of proteins associated with loss of desiccation tolerance. *Journal of Proteomics* 77, 68-86, doi:10.1016/j.jprot.2012.07.005 (2012).
18. Wang, Y.-D., Wang, X., Ngai, S.-m. & Wong, Y.-s. Comparative Proteomics Analysis of Selenium Responses in Selenium-Enriched Rice Grains. *Journal of Proteome Research* 12, 808-820, doi:10.1021/pr300878y (2013).

Klubicová K, Berčák M, Danchenko M, Skultety L, Rashydov NM, Berezha VV, Miernyk JA, Hajduch M. 2011. Agricultural recovery of a formerly radioactive area: I. Establishment of high-resolution quantitative protein map of mature flax seeds harvested from the remediated Chernobyl area. *Phytochemistry* 72:1308-15

Citácie:

19. Barvkar, V. T. a kol. Proteome Profiling of Flax (*Linum usitatissimum*) Seed: Characterization of Functional Metabolic Pathways Operating during Seed Development. *Journal of Proteome Research* 11, 6264-6276, doi:10.1021/pr300984r (2012).

Miernyk JA, Pret'ová A, Olmedilla A, Klubicová K, Obert B, Hajduch M, 2011. Using Proteomics to Study Sexual Reproduction in Angiosperms. *Sex Plant Reprod.* 24:9-22

Citácie:

20. Takac, T., Pechan, T. & Samaj, J. Differential proteomics of plant development. *Journal of Proteomics* 74, 577-588, doi:10.1016/j.jprot.2011.02.002 (2011)

Klubicová K, Danchenko M, Skultety L, Miernyk JA, Rashydov NM, Berezha VV, Pret'ová A, Hajduch M. (2010) Proteomics Analysis of Flax Grown in Chernobyl Area Suggests Limited Effect of Contaminated Environment on Seed Proteome. *Environ Sci Technol.* 44, 6940-6946

Citácie:

21. Barvkar, V. T. a kol. Proteome Profiling of Flax (*Linum usitatissimum*) Seed: Characterization of Functional Metabolic Pathways Operating during Seed Development. *Journal of Proteome Research* 11, 6264-6276, doi:10.1021/pr300984r (2012).
22. Day, A. a kol. Identification of cell wall proteins in the flax (*Linum usitatissimum*) stem. *Proteomics* 13, 812-825, doi:10.1002/pmic.201200257 (2013).
23. Gicquel, M., Esnault, M.-A., Jorriin-Novo, J. V. & Cabello-Hurtado, F. Application of proteomics to the assessment of the response to ionising radiation in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Proteomics* 74, 1364-1377, doi:10.1016/j.jprot.2011.03.025 (2011).
24. Kosova, K., Vitamvas, P., Prasil, I. T. & Renaut, J. Plant proteome changes under abiotic stress - Contribution of proteomics studies to understanding plant stress response. *Journal of Proteomics* 74, 1301-1322, doi:10.1016/j.jprot.2011.02.006 (2011).

25. Moller, A. P. & Mousseau, T. A. The effects of natural variation in background radioactivity on humans, animals and other organisms. *Biological Reviews* 88, 226-254, doi:10.1111/j.1469-185X.2012.00249.x (2013).
26. Tan, F. a kol. Global Liver Proteome Analysis Using iTRAQ Labeling Quantitative Proteomic Technology to Reveal Biomarkers in Mice Exposed to Perfluorooctane Sulfonate (PFOS). *Environmental Science & Technology* 46, 12170-12177, doi:10.1021/es3027715 (2012).
27. Zhang, X. a kol. The use of proteomic analysis for exploring the phytoremediation mechanism of *Scirpus triquetus* to pyrene. *Journal of Hazardous Materials* 260, 1001-1007, doi:10.1016/j.jhazmat.2013.06.068 (2013).

Hajduch M, Hearne LB, Miernyk JA, Casteel JE, Joshi T, Agrawal GK, Song Z, Zhou M, Xu D, Thelen JJ (2010) Systems analysis of seed filling in Arabidopsis: using general linear modeling to assess concordance of transcript and protein expression. *Plant Physiol.* 152(4):2078-87

Citácie:

28. Barvkar, V. T. a kol. Proteome Profiling of Flax (*Linum usitatissimum*) Seed: Characterization of Functional Metabolic Pathways Operating during Seed Development. *Journal of Proteome Research* 11, 6264-6276, doi:10.1021/pr300984r (2012).
29. Li, W., Gao, Y., Xu, H., Zhang, Y. & Wang, J. A Proteomic Analysis of Seed Development in *Brassica campestris* L. *Plos One* 7, doi:10.1371/journal.pone.0050290 (2012).
30. Boschetti, E. & Righetti, P. G. Plant Proteomics and Food and Beverage Analysis via CPLL Capture. (2013).
31. Sano, N. a kol. Proteomic analysis of stress-related proteins in rice seeds during the desiccation phase of grain filling. *Plant Biotechnology* 30, 147-U149, doi:10.5511/plantbiotechnology.13.0207a (2013).
32. Sreenivasulu, N. & Wobus, U. in *Annual Review of Plant Biology*, Vol 64 Vol. 64 Annual Review of Plant Biology (ed S. S. Merchant) 189-+ (2013).
33. Stitt, M. Systems-integration of plant metabolism: means, motive and opportunity. *Current Opinion in Plant Biology* 16, 381-388, doi:10.1016/j.pbi.2013.02.012 (2013).
34. Vanderschuren, H., Lentz, E., Zainuddin, I. & Gruissem, W. Proteomics of model and crop plant species: Status, current limitations and strategic advances for crop improvement. *Journal of Proteomics* 93, 5-19, doi:10.1016/j.jprot.2013.05.036 (2013).
35. Boschetti, E. & Righetti, P. G. Breakfast at Tiffany's? Only with a low-abundance proteomic signature! *Electrophoresis* 33, 2228-2239, doi:10.1002/elps.201200003 (2012).
36. Choudhury, S. R. a kol. Two Chimeric Regulators of G-protein Signaling (RGS) Proteins Differentially Modulate Soybean Heterotrimeric G-protein Cycle. *Journal of Biological Chemistry* 287, 17870-17881, doi:10.1074/jbc.M112.353219 (2012).
37. Hayden, D. M. a kol. Cofactome analyses reveal enhanced flux of carbon into oil for potential biofuel production. *Plant Journal* 67, 1018-1028, doi:10.1111/j.1365-313X.2011.04654.x (2011).
38. Kalantzaki, K. D., Bei, E. S., Garofalakis, M. & Zervakis, M. Biological Interaction Networks Based on Sparse Temporal Expansion of Graphical Models. (2012).
39. Karuppanapandian, T. a kol. Proteomic analysis of differentially expressed proteins in the roots of Columbia-0 and Landsberg erecta ecotypes of *Arabidopsis thaliana* in response to aluminum-toxicity. *Canadian Journal of Plant Science* 92, 1267-1282, doi:10.4141/cjps2012-098 (2012).
40. Meyer, L. J., Gao, J., Xu, D. & Thelen, J. J. Phosphoproteomic Analysis of Seed Maturation in *Arabidopsis*, Rapeseed, and Soybean. *Plant Physiology* 159, 517-528, doi:10.1104/pp.111.191700 (2012).
41. Ren, Y. a kol. Type 4 metallothionein genes are involved in regulating Zn ion accumulation in late embryo and in controlling early seedling growth in *Arabidopsis*. *Plant Cell and Environment* 35, 770-789, doi:10.1111/j.1365-3040.2011.02450.x (2012).
42. Wang, L., Ma, H., Song, L., Shu, Y. & Gu, W. Comparative proteomics analysis reveals the mechanism of pre-harvest seed deterioration of soybean under high temperature and humidity stress. *Journal of Proteomics* 75, 2109-2127, doi:10.1016/j.jprot.2012.01.007 (2012).
43. Zhao, F. a. a kol. Proteomic identification of differentially expressed proteins in *Gossypium thurberi* inoculated with cotton *Verticillium dahliae*. *Plant Science* 185, 176-184, doi:10.1016/j.plantsci.2011.10.007 (2012).

44. Balbuena, T. S., Salas, J. J., Martinez-Force, E., Garces, R. & Thelen, J. J. Proteome Analysis of Cold Acclimation in Sunflower. *Journal of Proteome Research* 10, 2330-2346, doi:10.1021/pr101137q (2011).
45. Brown, A. P. a kol. Components of Complex Lipid Biosynthetic Pathways in Developing Castor (*Ricinus communis*) Seeds Identified by MudPIT Analysis of Enriched Endoplasmic Reticulum. *Journal of Proteome Research* 10, 3565-3577, doi:10.1021/pr2002066 (2011).
46. Walker, E. L. & Waters, B. M. The role of transition metal homeostasis in plant seed development. *Current Opinion in Plant Biology* 14, 318-324, doi:10.1016/j.pbi.2011.03.025 (2011).
47. Chourey, P. S., Li, Q.-B. & Kumar, D. Sugar-Hormone Cross-Talk in Seed Development: Two Redundant Pathways of IAA Biosynthesis Are Regulated Differentially in the Invertase-Deficient miniature1 (mn1) Seed Mutant in Maize. *Molecular Plant* 3, 1026-1036, doi:10.1093/mp/ssq057 (2010).
48. Couee, I. & Bringel, F. Expanding importance of mRNA expression in understanding stress and stress responses. *Journal of Theoretical Biology* 266, 479-482, doi:10.1016/j.jtbi.2010.07.011 (2010).
49. Roy, A., Rushton, P. J. & Rohila, J. S. The Potential of Proteomics Technologies for Crop Improvement under Drought Conditions. *Critical Reviews in Plant Sciences* 30, 471-490, doi:10.1080/07352689.2011.605743 (2011).
50. Troncoso-Ponce, M. A. a kol. Cloning, biochemical characterisation, tissue localisation and possible post-translational regulatory mechanism of the cytosolic phosphoglucose isomerase from developing sunflower seeds. *Planta* 232, 845-859, doi:10.1007/s00425-010-1219-5 (2010).

Houston NL, Hajduch M, Thelen JJ (2009) Quantitative Proteomics of Seed Filling in Castor: Comparison with Soybean and Rapeseed Reveals Differences between Photosynthetic and Non-photosynthetic Seed Metabolism. *Plant Physiol.* 151:857-68

Citácie:

51. Barvkar, V. T. a kol. Proteome Profiling of Flax (*Linum usitatissimum*) Seed: Characterization of Functional Metabolic Pathways Operating during Seed Development. *Journal of Proteome Research* 11, 6264-6276, doi:10.1021/pr300984r (2012).
52. Li, W., Gao, Y., Xu, H., Zhang, Y. & Wang, J. A Proteomic Analysis of Seed Development in *Brassica campestris* L. *Plos One* 7, doi:10.1371/journal.pone.0050290 (2012).
53. Liu, H. a kol. Proteomic analysis of the seed development in *Jatropha curcas*: From carbon flux to the lipid accumulation. *Journal of Proteomics* 91, 23-40, doi:10.1016/j.jprot.2013.06.030 (2013).
54. Brown, A. P. a kol. Components of Complex Lipid Biosynthetic Pathways in Developing Castor (*Ricinus communis*) Seeds Identified by MudPIT Analysis of Enriched Endoplasmic Reticulum. *Journal of Proteome Research* 10, 3565-3577, doi:10.1021/pr2002066 (2011).
55. Troncoso-Ponce, M. A. a kol. Cloning, biochemical characterisation, tissue localisation and possible post-translational regulatory mechanism of the cytosolic phosphoglucose isomerase from developing sunflower seeds. *Planta* 232, 845-859, doi:10.1007/s00425-010-1219-5 (2010).
56. Dussert, S. a kol. Comparative Transcriptome Analysis of Three Oil Palm Fruit and Seed Tissues That Differ in Oil Content and Fatty Acid Composition. *Plant Physiology* 162, 1337-1358, doi:10.1104/pp.113.220525 (2013).
57. Gan, L. a kol. Proteomic and Comparative Genomic Analysis of Two *Brassica napus* Lines Differing in Oil Content. *Journal of Proteome Research* 12, 4965-4978, doi:10.1021/pr4005635 (2013).
58. Li, Z. a kol. Characterization of seed fatty acid accumulation in DELLA mutant lines of *Arabidopsis*. *Plant Growth Regulation* 70, 27-37, doi:10.1007/s10725-012-9775-2 (2013).
59. Loss-Morais, G. a kol. Analysis of castor bean ribosome-inactivating proteins and their gene expression during seed development. *Genetics and Molecular Biology* 36, 74-+ (2013).
60. Nogueira, F. C. S. a kol. Isotope Labeling-Based Quantitative Proteomics of Developing Seeds of Castor Oil Seed (*Ricinus communis* L.). *Journal of Proteome Research* 12, 5012-5024, doi:10.1021/pr400685z (2013).
61. Zi, J. a kol. Stress Responsive Proteins Are Actively Regulated during Rice (*Oryza sativa*) Embryogenesis as Indicated by Quantitative Proteomics Analysis. *Plos One* 8, doi:10.1371/journal.pone.0074229 (2013).

62. Jiang, H. a kol. Global Analysis of Gene Expression Profiles in Developing Physic Nut (*Jatropha curcas* L.) Seeds. *Plos One* 7, doi:10.1371/journal.pone.0036522 (2012).
63. Lazaro-Mixteco, P. E. a kol. The Absence of Heat Shock Protein HSP101 Affects the Proteome of Mature and Germinating Maize Embryos. *Journal of Proteome Research* 11, 3246-3258, doi:10.1021/pr3000046 (2012).
64. Nogueira, F. C. S. a kol. Proteomic profile of the nucellus of castor bean (*Ricinus communis* L.) seeds during development. *Journal of Proteomics* 75, 1933-1939, doi:10.1016/j.jprot.2012.01.002 (2012).
65. Park, J., Khuu, N., Howard, A. S. M., Mullen, R. T. & Plaxton, W. C. Bacterial- and plant-type phosphoenolpyruvate carboxylase isozymes from developing castor oil seeds interact in vivo and associate with the surface of mitochondria. *Plant Journal* 71, 251-262, doi:10.1111/j.1365-313X.2012.04985.x (2012).
66. Tasleem-Tahir, A., Nadaud, I., Chambon, C. & Branlard, G. Expression Profiling of Starchy Endosperm Metabolic Proteins at 21 Stages of Wheat Grain Development. *Journal of Proteome Research* 11, 2754-2773, doi:10.1021/pr201110d (2012).
67. Troncoso-Ponce, M. A. a kol. Comparative deep transcriptional profiling of four developing oilseeds. *Plant Journal* 68, 1014-1027, doi:10.1111/j.1365-313X.2011.04751.x (2011).
68. Troncoso-Ponce, M. A. a kol. Molecular cloning and biochemical characterization of three phosphoglycerate kinase isoforms from developing sunflower (*Helianthus annuus* L.) seeds. *Phytochemistry* 79, 27-38, doi:10.1016/j.phytochem.2012.04.001 (2012).
69. Zi, J. a kol. Proteomics study of rice embryogenesis: Discovery of the embryogenesis-dependent globulins. *Electrophoresis* 33, 1129-1138, doi:10.1002/elps.201100398 (2012).
70. Adrian Troncoso-Ponce, M., Garces, R. & Martinez-Force, E. Glycolytic enzymatic activities in developing seeds involved in the differences between standard and low oil content sunflowers (*Helianthus annuus* L.). *Plant Physiology and Biochemistry* 48, 961-965, doi:10.1016/j.plaphy.2010.09.012 (2010).
71. Agrawal, G. K. & Rakwal, R. Rice proteomics: A move toward expanded proteome coverage to comparative and functional proteomics uncovers the mysteries of rice and plant biology. *Proteomics* 11, 1630-1649, doi:10.1002/pmic.201000696 (2011).
72. Barkla, B. J., Vera-Estrella, R. & Pantoja, O. Progress and challenges for abiotic stress proteomics of crop plants. *Proteomics* 13, 1801-1815, doi:10.1002/pmic.201200401 (2013).
73. Li, M.-W., Qi, X., Ni, M. & Lam, H.-M. Silicon Era of Carbon-Based Life: Application of Genomics and Bioinformatics in Crop Stress Research. *International Journal of Molecular Sciences* 14, 11444-11483, doi:10.3390/ijms140611444 (2013).
74. O'Leary, B., Park, J. & Plaxton, W. C. The remarkable diversity of plant PEPC (phosphoenolpyruvate carboxylase): recent insights into the physiological functions and post-translational controls of non-photosynthetic PEPCs. *Biochemical Journal* 436, 15-34, doi:10.1042/bj20110078 (2011).
75. Shi, H., Ye, T. & Chan, Z. Comparative Proteomic and Physiological Analyses Reveal the Protective Effect of Exogenous Polyamines in the Bermudagrass (*Cynodon dactylon*) Response to Salt and Drought Stresses. *Journal of Proteome Research* 12, 4951-4964, doi:10.1021/pr400479k (2013).

Danchenko M, Skultety L, Rashydov NM, Berezhna VV, Mátel L, Salaj T, Pret'ová A, Hajdich M (2009) Proteomic analysis of mature soybean seeds from the Chernobyl area suggests plant adaptation to the contaminated environment. *J Proteome Res.* 8: 2915-22

Citácie:

76. D'Alessandro, A. & Zolla, L. We Are What We Eat: Food Safety and Proteomics. *Journal of Proteome Research* 11, 26-36, doi:10.1021/pr2008829 (2012).
77. Acosta-Martin, A. E. a kol. Impact of incomplete DNase I treatment on human macrophage proteome analysis. *Proteomics Clinical Applications* 3, 1236-1246, doi:10.1002/prca.200900113 (2009).
78. Alam, I. a kol. Comparative proteomic approach to identify proteins involved in flooding combined with salinity stress in soybean. *Plant and Soil* 346, 45-62, doi:10.1007/s11104-011-0792-0 (2011).
79. Beata, P. & Ildiko, M. Plant Defense Against Heavy Metals: The Involvement of Pathogenesis-Related (PR) Proteins. Vol. 31 (2011).

80. Gicquel, M., Esnault, M.-A., Jorin-Novo, J. V. & Cabello-Hurtado, F. Application of proteomics to the assessment of the response to ionising radiation in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Proteomics* 74, 1364-1377, doi:10.1016/j.jprot.2011.03.025 (2011).
81. Koedritth, P., Kim, H., Weon, J.-I. & Seo, Y. R. Toxicogenomic approaches for understanding molecular mechanisms of heavy metal mutagenicity and carcinogenicity. *International Journal of Hygiene and Environmental Health* 216, 587-598, doi:10.1016/j.ijheh.2013.02.010 (2013).
82. Kosova, K., Vitamvas, P., Prasil, I. T. & Renaut, J. Plant proteome changes under abiotic stress - Contribution of proteomics studies to understanding plant stress response. *Journal of Proteomics* 74, 1301-1322, doi:10.1016/j.jprot.2011.02.006 (2011).
83. Luque-Garcia, J. L., Cabezas-Sanchez, P. & Camara, C. Proteomics as a tool for examining the toxicity of heavy metals. *Trac-Trends in Analytical Chemistry* 30, 703-716, doi:10.1016/j.trac.2011.01.014 (2011).
84. Moller, A. P. & Mousseau, T. A. The effects of natural variation in background radioactivity on humans, animals and other organisms. *Biological Reviews* 88, 226-254, doi:10.1111/j.1469-185X.2012.00249.x (2013).
85. Natarajan, S., Luthria, D., Bae, H., Lakshman, D. & Mitra, A. Transgenic Soybeans and Soybean Protein Analysis: An Overview. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 61, 11736-11743, doi:10.1021/jf402148e (2013).
86. Park, S.-K., Seo, J.-B. & Lee, M.-Y. Proteomic profiling of hempseed proteins from Cheungdam. *Biochimica Et Biophysica Acta-Proteins and Proteomics* 1824, 374-382, doi:10.1016/j.bbapap.2011.10.005 (2012).
87. Yang, L. a kol. Proteomics-based identification of storage, metabolic, and allergenic proteins in wheat seed from 2-DE gels. *African Journal of Agricultural Research* 6, 808-816 (2011).
88. Zhao, X. a kol. Comparative proteomic analysis of the effects of nitric oxide on alleviating Cd-induced toxicity in rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Omics* 5, 604-614 (2012).

Chen M, Mooney BP, Hajduch M, Casteel JE, Joshi T, Zhou M, Xu D, Thelen JJ (2009) System analysis of an Arabidopsis mutant altered in de novo fatty acid synthesis reveals diverse changes in seed composition and metabolism. *Plant Physiol* 150(1):27-41

Citácie:

89. Barvkar, V. T. a kol. Proteome Profiling of Flax (*Linum usitatissimum*) Seed: Characterization of Functional Metabolic Pathways Operating during Seed Development. *Journal of Proteome Research* 11, 6264-6276, doi:10.1021/pr300984r (2012).
90. Sreenivasulu, N. & Wobus, U. in *Annual Review of Plant Biology*, Vol 64 Vol. 64 Annual Review of Plant Biology (ed S. S. Merchant) 189-+ (2013).
91. Baginsky, S., Hennig, L., Zimmermann, P. & Grisse, W. Gene Expression Analysis, Proteomics, and Network Discovery. *Plant Physiology* 152, 402-410, doi:10.1104/pp.109.150433 (2010).
92. Baud, S. a kol. PII is induced by WRINKLED1 and fine-tunes fatty acid composition in seeds of *Arabidopsis thaliana*. *Plant Journal* 64, 291-303, doi:10.1111/j.1365-313X.2010.04332.x (2010).
93. Baud, S. & Lepiniec, L. Physiological and developmental regulation of seed oil production. *Progress in Lipid Research* 49, 235-249, doi:10.1016/j.plipres.2010.01.001 (2010).
94. Borisjuk, L. a kol. Seed Architecture Shapes Embryo Metabolism in Oilseed Rape. *Plant Cell* 25, 1625-1640, doi:10.1105/tpc.113.111740 (2013).
95. Eyckmans, M. a kol. Comparative proteomics of copper exposure and toxicity in rainbow trout, common carp and gibel carp. *Comparative Biochemistry and Physiology D-Genomics & Proteomics* 7, 220-232, doi:10.1016/j.cbd.2012.03.001 (2012).
96. Garcia-Limones, C., Mercado-Blanco, J. & Jorge, I. Protein Identification and Quantification by Mass Spectrometry-Based Analysis: Applications in Plant-Pathogen Interactions Studies. *Current Proteomics* 7, 234-243, doi:10.2174/157016410793611738 (2010).
97. He, D., Han, C., Yao, J., Shen, S. & Yang, P. Constructing the metabolic and regulatory pathways in germinating rice seeds through proteomic approach. *Proteomics* 11, 2693-2713, doi:10.1002/pmic.201000598 (2011).
98. Joyard, J. a kol. Chloroplast proteomics highlights the subcellular compartmentation of lipid metabolism. *Progress in Lipid Research* 49, 128-158, doi:10.1016/j.plipres.2009.10.003 (2010).
99. Li, X. a kol. Reverse-Genetic Analysis of the Two Biotin-Containing Subunit Genes of the Heteromeric Acetyl-Coenzyme A Carboxylase in *Arabidopsis* Indicates a Unidirectional Functional Redundancy. *Plant Physiology* 155, 293-314, doi:10.1104/pp.110.165910 (2011).

100. Napier, J. A. & Graham, I. A. Tailoring plant lipid composition: designer oilseeds come of age. *Current Opinion in Plant Biology* 13, 330-337, doi:10.1016/j.pbi.2010.01.008 (2010).
101. Neilson, K. A., Gammulla, C. G., Mirzaei, M., Imin, N. & Haynes, P. A. Proteomic analysis of temperature stress in plants. *Proteomics* 10, 828-845, doi:10.1002/pmic.200900538 (2010).
102. North, H. a kol. Arabidopsis seed secrets unravelled after a decade of genetic and omics-driven research. *Plant Journal* 61, 971-981, doi:10.1111/j.1365-313X.2009.04095.x (2010).
103. Podkowinski, J. & Tworak, A. Acetyl-coenzyme A carboxylase - an attractive enzyme for biotechnology. *Biotechnologia (Poznan)* 92, 321-335 (2011).
104. Prabhakar, V. a kol. Phosphoenolpyruvate Provision to Plastids Is Essential for Gametophyte and Sporophyte Development in Arabidopsis thaliana. *Plant Cell* 22, 2594-2617, doi:10.1105/tpc.109.073171 (2010).
105. Shi, L., Katavic, V., Yu, Y., Kunst, L. & Haughn, G. Arabidopsis glabra2 mutant seeds deficient in mucilage biosynthesis produce more oil. *Plant Journal* 69, 37-46, doi:10.1111/j.1365-313X.2011.04768.x (2012).
106. Silue, S., Jacquemin, J.-M. & Baudoin, J.-P. Use of induced mutations in embryogenesis study in bean Phaseolus vulgaris L. and two model plants, Arabidopsis thaliana (L.) Heynh. and Zea mays L. *Biotechnologie Agronomie Societe Et Environnement* 15, 195-205 (2011).
107. van Wijk, K. J. & Baginsky, S. Plastid Proteomics in Higher Plants: Current State and Future Goals. *Plant Physiology* 155, 1578-1588, doi:10.1104/pp.111.172932 (2011).
108. Weselake, R. J. a kol. Increasing the flow of carbon into seed oil. *Biotechnology Advances* 27, 866-878, doi:10.1016/j.biotechadv.2009.07.001 (2009).
109. Yin, D. a kol. De Novo Assembly of the Peanut (Arachis hypogaea L.) Seed Transcriptome Revealed Candidate Unigenes for Oil Accumulation Pathways. *Plos One* 8, doi:10.1371/journal.pone.0073767 (2013).

Chu Y, Faustinelli P, Ramos ML, Hajduch M, Stevenson S, Thelen JJ, Maleki SJ, Cheng H, Ozias-Akins P (2008) Reduction of IgE Binding and Nonpromotion of Aspergillus flavus Fungal Growth by Simultaneously Silencing Ara h 2 and Ara h 6 in Peanut. J Agric Food Chem 56(23): 11225-11233

Citácie:

110. Angenon, G. & Thu, T. T. Genetic Transformation. (2011).
111. Breiteneder, H. The classification of plant food allergens. *Allergologie* 32, 375-382 (2009).
112. Buiatti, M., Christou, P. & Pastore, G. The application of GMOs in agriculture and in food production for a better nutrition: two different scientific points of view. *Genes and Nutrition* 8, 255-270, doi:10.1007/s12263-012-0316-4 (2013).
113. Cabanos, C. S. a kol. Heavy-ion beam irradiation is an effective technique for reducing major allergens in peanut seeds. *Molecular Breeding* 30, 1037-1044, doi:10.1007/s11032-011-9687-2 (2012).
114. Chen, L., Song, P., Jia, F. & Wang, J. in *Natural Resources and Sustainable Development II, Pts 1-4 Vol. 524-527 Advanced Materials Research* (eds J. Wu a kol.) 2302-2305 (2012).
115. Davey, M. R. a kol. Generation and Deployment of Transgenic Crop Plants: An Overview. (2010).
116. Frizzi, A. & Huang, S. Tapping RNA silencing pathways for plant biotechnology. *Plant Biotechnology Journal* 8, 655-677, doi:10.1111/j.1467-7652.2010.00505.x (2010).
117. Gallo, M. & Sayre, R. Removing allergens and reducing toxins from food crops. *Current Opinion in Biotechnology* 20, 191-196, doi:10.1016/j.copbio.2009.03.005 (2009).
118. Herman, E. M. & Burks, A. W. The impact of plant biotechnology on food allergy. *Current Opinion in Biotechnology* 22, 224-230, doi:10.1016/j.copbio.2010.11.003 (2011).
119. Hurlburt, B. K. a kol. Production of pure protein and antibodies and development of immunoassays to detect Ara h 3 levels in peanut varieties. *International Journal of Food Science and Technology* 46, 1477-1484, doi:10.1111/j.1365-2621.2011.02645.x (2011).
120. Pagliarini, C., Perrone, I., Carra, A. & Gambino, G. Transgene Silencing in Plants: Mechanisms, Applications and New Perspectives. (2011).

121. Park, J. R., McFarlane, I., Phipps, R. H. & Ceddia, G. The role of transgenic crops in sustainable development. *Plant Biotechnology Journal* 9, 2-21, doi:10.1111/j.1467-7652.2010.00565.x (2011).
122. Riascos, J. J., Weissinger, A. K., Weissinger, S. M. & Burks, A. W. Hypoallergenic Legume Crops and Food Allergy: Factors Affecting Feasibility and Risk. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 58, 20-27, doi:10.1021/jf902526y (2010).
123. Saiz, J., Montealegre, C., Luisa Marina, M. & Garcia-Ruiz, C. Peanut Allergens: An Overview. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 53, 722-737, doi:10.1080/10408398.2011.556758 (2013).
124. Schmidt, H. a kol. 2-D DIGE analysis of the proteome of extracts from peanut variants reveals striking differences in major allergen contents. *Proteomics* 9, 3507-3521, doi:10.1002/pmic.200800938 (2009).
125. Shriver, S. K. & Yang, W. W. Thermal and Nonthermal Methods for Food Allergen Control. *Food Engineering Reviews* 3, 26-43, doi:10.1007/s12393-011-9033-9 (2011).
126. Uncu, A. O., Doganlar, S. & Frary, A. Biotechnology for Enhanced Nutritional Quality in Plants. *Critical Reviews in Plant Sciences* 32, 321-343, doi:10.1080/07352689.2013.781453 (2013).
127. Wang, X.-J. a kol. Peanut (*Arachis hypogaea* L.) Omics and Biotechnology in China. *Plant Omics* 4, 339-349 (2011).
128. Yang, W. W., Mwakatage, N. R., Goodrich-Schneider, R., Krishnamurthy, K. & Rababah, T. M. Mitigation of Major Peanut Allergens by Pulsed Ultraviolet Light. *Food and Bioprocess Technology* 5, 2728-2738, doi:10.1007/s11947-011-0615-6 (2012).
129. Yu, J., Ahmedna, M., Goktepe, I., Cheng, H. & Maleki, S. Enzymatic treatment of peanut kernels to reduce allergen levels. *Food Chemistry* 127, 1014-1022, doi:10.1016/j.foodchem.2011.01.074 (2011).

Agrawal GK, Hajduch M, Graham K, Thelen JJ. (2008) In-Depth Investigation of Soybean Seed-Filling Proteome and Comparison with a Parallel Study of Rapeseed. *Plant Physiology* 148(1):504-18

Citácie:

130. Barvkar, V. T. a kol. Proteome Profiling of Flax (*Linum usitatissimum*) Seed: Characterization of Functional Metabolic Pathways Operating during Seed Development. *Journal of Proteome Research* 11, 6264-6276, doi:10.1021/pr300984r (2012).
131. Cristina Romero-Rodriguez, M., Maldonado-Alconada, A. M., Valledor, L. & JorriNovo, J. V. in *Plant Proteomics: Methods and Protocols*, 2nd Edition Vol. 1072 *Methods in Molecular Biology* (eds J. V. JorriNovo, S. Komatsu, W. Weckwerth, & S. Wienkoop) 379-389 (2014).
132. Brown, A. P. a kol. Components of Complex Lipid Biosynthetic Pathways in Developing Castor (*Ricinus communis*) Seeds Identified by MudPIT Analysis of Enriched Endoplasmic Reticulum. *Journal of Proteome Research* 10, 3565-3577, doi:10.1021/pr2002066 (2011).
133. Walker, E. L. & Waters, B. M. The role of transition metal homeostasis in plant seed development. *Current Opinion in Plant Biology* 14, 318-324, doi:10.1016/j.pbi.2011.03.025 (2011).
134. Troncoso-Ponce, M. A. a kol. Cloning, biochemical characterisation, tissue localisation and possible post-translational regulatory mechanism of the cytosolic phosphoglucose isomerase from developing sunflower seeds. *Planta* 232, 845-859, doi:10.1007/s00425-010-1219-5 (2010).
135. Dussert, S. a kol. Comparative Transcriptome Analysis of Three Oil Palm Fruit and Seed Tissues That Differ in Oil Content and Fatty Acid Composition. *Plant Physiology* 162, 1337-1358, doi:10.1104/pp.113.220525 (2013).
136. Gan, L. a kol. Proteomic and Comparative Genomic Analysis of Two Brassica napus Lines Differing in Oil Content. *Journal of Proteome Research* 12, 4965-4978, doi:10.1021/pr4005635 (2013).
137. Li, Z. a kol. Characterization of seed fatty acid accumulation in DELLA mutant lines of Arabidopsis. *Plant Growth Regulation* 70, 27-37, doi:10.1007/s10725-012-9775-2 (2013).
138. Zi, J. a kol. Stress Responsive Proteins Are Actively Regulated during Rice (*Oryza sativa*) Embryogenesis as Indicated by Quantitative Proteomics Analysis. *Plos One* 8, doi:10.1371/journal.pone.0074229 (2013).

139. Alam, I. a kol. Comparative proteomic approach to identify proteins involved in flooding combined with salinity stress in soybean. *Plant and Soil* 346, 45-62, doi:10.1007/s11104-011-0792-0 (2011).
140. Natarajan, S., Luthria, D., Bae, H., Lakshman, D. & Mitra, A. Transgenic Soybeans and Soybean Protein Analysis: An Overview. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 61, 11736-11743, doi:10.1021/jf402148e (2013).
141. Balbuena, T. S. a kol. Changes in the 2-DE protein profile during zygotic embryogenesis in the Brazilian Pine (*Araucaria angustifolia*). *Journal of Proteomics* 72, 337-352, doi:10.1016/j.jprot.2009.01.011 (2009).
142. Bolon, Y.-T. a kol. Complementary genetic and genomic approaches help characterize the linkage group I seed protein QTL in soybean. *Bmc Plant Biology* 10, doi:10.1186/1471-2229-10-41 (2010).
143. Bourgeois, M. a kol. A PQL (protein quantity loci) analysis of mature pea seed proteins identifies loci determining seed protein composition. *Proteomics* 11, 1581-1594, doi:10.1002/pmic.201000687 (2011).
144. Dam, S. a kol. The Proteome of Seed Development in the Model Legume Lotus japonicus. *Plant Physiology* 149, 1325-1340, doi:10.1104/pp.108.133405 (2009).
145. Duan, H. & Yang, J.-c. Research Advances in the Effect of High Temperature on Rice and Its Mechanism. *Zhongguo Shuidao Kexue* 26, 393-400, doi:10.3969/j.issn.1001-7216.2012.04.002 (2012).
146. Haimi, P., Gelvonauskiene, D., Stanys, V. & Baniulis, D. Application of rhodamine and betaine - based fluorescent dyes for studying protein expression in *Malus domestica* with 2D gel electrophoresis. *Febs Journal* 279, 80-80 (2012).
147. Han, C., Yin, X., He, D. & Yang, P. Analysis of Proteome Profile in Germinating Soybean Seed, and Its Comparison with Rice Showing the Styles of Reserves Mobilization in Different Crops. *Plos One* 8, doi:10.1371/journal.pone.0056947 (2013).
148. Hashiguchi, A., Ahsan, N. & Komatsu, S. Proteomics application of crops in the context of climatic changes. *Food Research International* 43, 1803-1813, doi:10.1016/j.foodres.2009.07.033 (2010).
149. Hashiguchi, A., Sakata, K. & Komatsu, S. Proteome Analysis of Early-Stage Soybean Seedlings under Flooding Stress. *Journal of Proteome Research* 8, 2058-2069, doi:10.1021/pr801051m (2009).
150. Hossain, Z. & Komatsu, S. in *Plant Proteomics: Methods and Protocols*, 2nd Edition Vol. 1072 *Methods in Molecular Biology* (eds J. V. JorriNovo, S. Komatsu, W. Weckwerth, & S. Wienkoop) 315-331 (2014).
151. Komatsu, S. & Ahsan, N. Soybean proteomics and its application to functional analysis. *Journal of Proteomics* 72, 325-336, doi:10.1016/j.jprot.2008.10.001 (2009).
152. Li, X. & Dhaubhadel, S. Soybean 14-3-3 gene family: identification and molecular characterization. *Planta* 233, 569-582, doi:10.1007/s00425-010-1315-6 (2011).
153. Nautrup-Pedersen, G. a kol. Proteome Analysis of Pod and Seed Development in the Model Legume Lotus japonicus. *Journal of Proteome Research* 9, 5715-5726, doi:10.1021/pr100511u (2010).
154. Ren, Y. a kol. A comparative proteomics approach to detect unintended effects in transgenic Arabidopsis. *Journal of Genetics and Genomics* 36, 629-639, doi:10.1016/s1673-8527(08)60155-1 (2009).
155. Sghaier-Hammami, B., JorriNovo, J. V., Gargouri-Bouzid, R. & Dira, N. Abscisic acid and sucrose increase the protein content in date palm somatic embryos, causing changes in 2-DE profile. *Phytochemistry* 71, 1223-1236, doi:10.1016/j.phytochem.2010.05.005 (2010).
156. Thompson, R., Burstin, J. & Gallardo, K. Post-Genomics Studies of Developmental Processes in Legume Seeds. *Plant Physiology* 151, 1023-1029, doi:10.1104/pp.109.143966 (2009).
157. Tran, L.-S. P. & Mochida, K. Functional genomics of soybean for improvement of productivity in adverse conditions. *Functional & Integrative Genomics* 10, 447-462, doi:10.1007/s10142-010-0178-z (2010).
158. Xu, X.-y., Fan, R., Zheng, R., Li, C.-m. & Yu, D.-y. Proteomic analysis of seed germination under salt stress in soybeans. *Journal of Zhejiang University-Science B* 12, 507-517, doi:10.1631/jzus.B1100061 (2011).

Hajduch M, Casteel JE, Tang S, Hearne LB, Knapp S, Thelen JJ. (2007) Proteomic analysis of near-isogenic sunflower varieties differing in seed oil traits. *J Proteome Res* 6(8):3232-3241

Citácie:

159. Hayden, D. M. a kol. Cofactome analyses reveal enhanced flux of carbon into oil for potential biofuel production. *Plant Journal* 67, 1018-1028, doi:10.1111/j.1365-3113.2011.04654.x (2011).
160. Gan, L. a kol. Proteomic and Comparative Genomic Analysis of Two Brassica napus Lines Differing in Oil Content. *Journal of Proteome Research* 12, 4965-4978, doi:10.1021/pr4005635 (2013).
161. Adrian Troncoso-Ponce, M., Garces, R. & Martinez-Force, E. Glycolytic enzymatic activities in developing seeds involved in the differences between standard and low oil content sunflowers (*Helianthus annuus* L.). *Plant Physiology and Biochemistry* 48, 961-965, doi:10.1016/j.plaphy.2010.09.012 (2010).
162. Natarajan, S., Luthria, D., Bae, H., Lakshman, D. & Mitra, A. Transgenic Soybeans and Soybean Protein Analysis: An Overview. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 61, 11736-11743, doi:10.1021/jf402148e (2013).
163. Neilson, K. A., Gammulla, C. G., Mirzaei, M., Imin, N. & Haynes, P. A. Proteomic analysis of temperature stress in plants. *Proteomics* 10, 828-845, doi:10.1002/pmic.200900538 (2010).
164. Adrian Troncoso-Ponce, M., Kruger, N. J., Ratcliffe, G., Garces, R. & Martinez-Force, E. Characterization of glycolytic initial metabolites and enzyme activities in developing sunflower (*Helianthus annuus* L.) seeds. *Phytochemistry* 70, 1117-1122, doi:10.1016/j.phytochem.2009.07.012 (2009).
165. Barbosa, H. d. S., Quirino de Souza, D. L., Ferreira Koolen, H. H., Gozzo, F. C. & Zezzi Arruda, M. A. Sample preparation focusing on plant proteomics: extraction, evaluation and identification of proteins from sunflower seeds. *Analytical Methods* 5, 116-123, doi:10.1039/c2ay25503k (2013).
166. Carpentier, S. C. a kol. Proteome analysis of non-model plants: A challenging but powerful approach. *Mass Spectrometry Reviews* 27, 354-377, doi:10.1002/mas.20170 (2008).
167. Fernandez-Martinez, J. M., Perez-Vich, B. & Velasco, L. Sunflower. Vol. 4 (2009).
168. Fulda, S., Mikkat, S., Stegmann, H. & Horn, R. Physiology and proteomics of drought stress acclimation in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Plant Biology* 13, 632-642, doi:10.1111/j.1438-8677.2010.00426.x (2011).
169. Jorin-Novo, J. V. a kol. Plant proteomics update (2007-2008): Second-generation proteomic techniques, an appropriate experimental design, and data analysis to fulfill MIAPE standards, increase plant proteome coverage and expand biological knowledge. *Journal of Proteomics* 72, 285-314, doi:10.1016/j.jprot.2009.01.026 (2009).
170. Khan, N. A., Takahashi, R., Abe, J. & Komatsu, S. Identification of cleistogamy-associated proteins in flower buds of near-isogenic lines of soybean by differential proteomic analysis. *Peptides* 30, 2095-2102, doi:10.1016/j.peptides.2009.08.012 (2009).
171. Pawlowski, T. Seed proteomics. *Biotechnologia (Poznan)*, 104-118 (2009).
172. Perez-Vich, B. & Berry, S. T. *Molecular Breeding*. (2010).
173. Rode, C. a kol. Enolases: storage compounds in seeds? Evidence from a proteomic comparison of zygotic and somatic embryos of *Cyclamen persicum* Mill. *Plant Molecular Biology* 75, 305-319, doi:10.1007/s11103-010-9729-x (2011).
174. Teh, H. F. a kol. Differential Metabolite Profiles during Fruit Development in High-Yielding Oil Palm Mesocarp. *Plos One* 8, doi:10.1371/journal.pone.0061344 (2013).
175. Vollmann, J. & Rajcan, I. *Oil Crop Breeding and Genetics*. Vol. 4 (2009).

Hajduch M, Casteel JE, Hurrelmeyer KE, Song Z, Agrawal GK, Thelen JJ (2006) Proteomic analysis of seed filling in Brassica napus. Developmental characterization of metabolic isozymes using high-resolution two-dimensional gel electrophoresis. *Plant Physiology* 141, 32-46

Citácie:

176. Li, W., Gao, Y., Xu, H., Zhang, Y. & Wang, J. A Proteomic Analysis of Seed Development in *Brassica campestris* L. *Plos One* 7, doi:10.1371/journal.pone.0050290 (2012).

177. Liu, H. a kol. Proteomic analysis of the seed development in *Jatropha curcas*: From carbon flux to the lipid accumulation. *Journal of Proteomics* 91, 23-40, doi:10.1016/j.jprot.2013.06.030 (2013).
178. Hayden, D. M. a kol. Cofactome analyses reveal enhanced flux of carbon into oil for potential biofuel production. *Plant Journal* 67, 1018-1028, doi:10.1111/j.1365-3113X.2011.04654.x (2011).
179. Wang, L., Ma, H., Song, L., Shu, Y. & Gu, W. Comparative proteomics analysis reveals the mechanism of pre-harvest seed deterioration of soybean under high temperature and humidity stress. *Journal of Proteomics* 75, 2109-2127, doi:10.1016/j.jprot.2012.01.007 (2012).
180. Brown, A. P. a kol. Components of Complex Lipid Biosynthetic Pathways in Developing Castor (*Ricinus communis*) Seeds Identified by MudPIT Analysis of Enriched Endoplasmic Reticulum. *Journal of Proteome Research* 10, 3565-3577, doi:10.1021/pr2002066 (2011).
181. Dussert, S. a kol. Comparative Transcriptome Analysis of Three Oil Palm Fruit and Seed Tissues That Differ in Oil Content and Fatty Acid Composition. *Plant Physiology* 162, 1337-1358, doi:10.1104/pp.113.220525 (2013).
182. Gan, L. a kol. Proteomic and Comparative Genomic Analysis of Two Brassica napus Lines Differing in Oil Content. *Journal of Proteome Research* 12, 4965-4978, doi:10.1021/pr4005635 (2013).
183. Zi, J. a kol. Stress Responsive Proteins Are Actively Regulated during Rice (*Oryza sativa*) Embryogenesis as Indicated by Quantitative Proteomics Analysis. *Plos One* 8, doi:10.1371/journal.pone.0074229 (2013).
184. Jiang, H. a kol. Global Analysis of Gene Expression Profiles in Developing Physic Nut (*Jatropha curcas* L.) Seeds. *Plos One* 7, doi:10.1371/journal.pone.0036522 (2012).
185. Nautrup-Pedersen, G. a kol. Proteome Analysis of Pod and Seed Development in the Model Legume *Lotus japonicus*. *Journal of Proteome Research* 9, 5715-5726, doi:10.1021/pr100511u (2010).
186. Pawlowski, T. Seed proteomics. *Biotechnologia (Poznan)*, 104-118 (2009).
187. Rode, C. a kol. Enolases: storage compounds in seeds? Evidence from a proteomic comparison of zygotic and somatic embryos of *Cyclamen persicum* Mill. *Plant Molecular Biology* 75, 305-319, doi:10.1007/s11103-010-9729-x (2011).
188. Vollmann, J. & Rajcan, I. *Oil Crop Breeding and Genetics*. Vol. 4 (2009).
189. Agrawal, L. a kol. Comparative Proteomics Reveals a Role for Seed Storage Protein AmA1 in Cellular Growth, Development, and Nutrient Accumulation. *Journal of Proteome Research* 12, 4904-4930, doi:10.1021/pr4007987 (2013).
190. Aguinagalde, I., Maselli, S. & Perez-Garcia, F. Isozyme systems as markers of genetic deterioration in stored seeds of Brassicaceae species. *Seed Science and Technology* 40, 365-373 (2012).
191. Albertin, W. a kol. Comparative proteomics of leaf, stem, and root tissues of synthetic Brassica napus. *Proteomics* 9, 793-799, doi:10.1002/pmic.200800479 (2009).
192. Cai, L. a kol. Biological and Molecular Characterization of a Crucifer Tobamovirus Infecting Oilseed Rape. *Biochemical Genetics* 47, 451-461, doi:10.1007/s10528-009-9244-4 (2009).
193. Chai, G. a kol. Brassica GLABRA2 genes: analysis of function related to seed oil content and development of functional markers. *Theoretical and Applied Genetics* 120, 1597-1610, doi:10.1007/s00122-010-1279-8 (2010).
194. Chattopadhyay, A. a kol. Analysis of the grasspea proteome and identification of stress-responsive proteins upon exposure to high salinity, low temperature, and abscisic acid treatment. *Phytochemistry* 72, 1293-1307, doi:10.1016/j.phytochem.2011.01.024 (2011).
195. Chu, Y. a kol. Reduction of IgE Binding and Nonpromotion of *Aspergillus flavus* Fungal Growth by Simultaneously Silencing Ara h 2 and Ara h 6 in Peanut. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 56, 11225-11233, doi:10.1021/jf802600r (2008).
196. Devouge, V. a kol. Differential proteomic analysis of four near-isogenic Brassica napus varieties bred for their erucic acid and glucosinolate contents. *Journal of Proteome Research* 6, 1342-1353, doi:10.1021/pr060450b (2007).
197. Faergestad, E. M., Rye, M. B., Nhek, S., Hollung, K. & Grove, H. The Use of Chemometrics to Analyse Protein Patterns from Gel Electrophoresis. *Acta Chromatographica* 23, 1-40, doi:10.1556/ACHrom.23.2011.1.1 (2011).

198. Fang, X. a kol. Comparative proteomics analysis of proteins expressed in the I-1 and I-2 internodes of strawberry stolons. *Proteome Science* 9, doi:10.1186/1477-5956-9-26 (2011).
199. Grimplet, J. a kol. Proteomic and selected metabolite analysis of grape berry tissues under well-watered and water-deficit stress conditions. *Proteomics* 9, 2503-2528, doi:10.1002/pmic.200800158 (2009).
200. Hu, Z. a kol. Discovery of Pod Shatter-Resistant Associated SNPs by Deep Sequencing of a Representative Library Followed by Bulk Segregant Analysis in Rapeseed. *Plos One* 7, doi:10.1371/journal.pone.0034253 (2012).
201. Hu, Z., Wang, X. & Xu, C. A method for identification of the expression mode and mapping of QTL underlying embryo-specific characters. *Journal of Heredity* 97, 473-482, doi:10.1093/jhered/es1028 (2006).
202. Hu, Z. a kol. Unusually large oilbodies are highly correlated with lower oil content in *Brassica napus*. *Plant Cell Reports* 28, 541-549, doi:10.1007/s00299-008-0654-2 (2009).
203. Hu, Z.-Y., Hua, W., Huang, S.-M. & Wang, H.-Z. Complete chloroplast genome sequence of rapeseed (*Brassica napus* L.) and its evolutionary implications. *Genetic Resources and Crop Evolution* 58, 875-887, doi:10.1007/s10722-010-9626-9 (2011).
204. Huang, D., Koh, C., Feurtado, J. A., Tsang, E. W. T. & Cutler, A. J. MicroRNAs and their putative targets in *Brassica napus* seed maturation. *Bmc Genomics* 14, doi:10.1186/1471-2164-14-140 (2013).
205. Islam, S., Yan, G., Appels, R. & Ma, W. Comparative proteome analysis of seed storage and allergenic proteins among four narrow-leaved lupin cultivars. *Food Chemistry* 135, 1230-1238, doi:10.1016/j.foodchem.2012.05.081 (2012).
206. Jasik, J. a kol. Subtissue-Specific Evaluation of Promoter Efficiency by Quantitative Fluorometric Assay in Laser Microdissected Tissues of Rapeseed. *Plant Physiology* 157, 563-573, doi:10.1104/pp.111.180760 (2011).
207. Jiang, J. a kol. Proteomic differences in seed filling between yellow-seeded progeny of *Brassica napus*-*Sinapis alba* (Brassicaceae) and black-seeded parent *B. napus*. *Russian Journal of Genetics* 48, 396-403, doi:10.1134/s1022795412020081 (2012).
208. Jiang, Y. a kol. Overexpression of an nsLTPs-like antimicrobial protein gene (LJAMP2) from motherwort (*Leonurus japonicus*) enhances resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in oilseed rape (*Brassica napus*). *Physiological and Molecular Plant Pathology* 82, 81-87, doi:10.1016/j.pmpp.2012.11.001 (2013).
209. Joet, T. a kol. Metabolic pathways in tropical dicotyledonous albuminous seeds: *Coffea arabica* as a case study. *New Phytologist* 182, 146-162, doi:10.1111/j.1469-8137.2008.02742.x (2009).
210. Katam, R., Basha, S. M., Suravajhala, P. & Pechan, T. Analysis of Peanut Leaf Proteome. *Journal of Proteome Research* 9, 2236-2254, doi:10.1021/pr901009n (2010).
211. Kottapalli, K. R. a kol. Proteomics analysis of mature seed of four peanut cultivars using two-dimensional gel electrophoresis reveals distinct differential expression of storage, anti-nutritional, and allergenic proteins. *Plant Science* 175, 321-329, doi:10.1016/j.plantsci.2008.05.005 (2008).
212. Liu, H. a kol. Comparative proteomic analysis of longan (*Dimocarpus longan* Lour.) seed abortion. *Planta* 231, 847-860, doi:10.1007/s00425-009-1093-1 (2010).
213. Marsolais, F. a kol. Proteomic analysis of common bean seed with storage protein deficiency reveals up-regulation of sulfur-rich proteins and starch and raffinose metabolic enzymes, and down-regulation of the secretory pathway. *Journal of Proteomics* 73, 1587-1600, doi:10.1016/j.jprot.2010.03.013 (2010).
214. Mechin, V., Thevenot, C., Le Guilloux, M., Prioul, J.-L. & Damerval, C. Developmental analysis of maize endosperm proteome suggests a pivotal role for pyruvate orthophosphate dikinase. *Plant Physiology* 143, 1203-1219, doi:10.1104/pp.106.092148 (2007).
215. Meng, M. a kol. Differential tissue/organ-dependent expression of two sucrose- and cold-responsive genes for UDP-glucose pyrophosphorylase in *Populus*. *Gene* 389, 186-195, doi:10.1016/j.gene.2006.11.006 (2007).
216. Milkowski, C. & Strack, D. Sinapate esters in brassicaceous plants: biochemistry, molecular biology, evolution and metabolic engineering. *Planta* 232, 19-35, doi:10.1007/s00425-010-1168-z (2010).
217. Nguyen, H. T. a kol. Camelina seed transcriptome: a tool for meal and oil improvement and translational research. *Plant Biotechnology Journal* 11, 759-769, doi:10.1111/pbi.12068 (2013).

218. Niu, Y. a kol. Global Analysis of Gene Expression Profiles in Brassica napus Developing Seeds Reveals a Conserved Lipid Metabolism Regulation with Arabidopsis thaliana. *Molecular Plant* 2, 1107-1122, doi:10.1093/mp/ssp042 (2009).
219. Park, J.-I. a kol. UDP-Glucose Pyrophosphorylase is Rate Limiting in Vegetative and Reproductive Phases in Arabidopsis thaliana. *Plant and Cell Physiology* 51, 981-996, doi:10.1093/pcp/pcq057 (2010).
220. Sang, Y. L. a kol. Comparative proteomic analysis reveals similar and distinct features of proteins in dry and wet stigmas. *Proteomics* 12, 1983-1998, doi:10.1002/pmic.201100407 (2012).
221. Su, R. L. a kol. Isolation and characterisation of a UDP-glucose pyrophosphorylase gene associated with fruit ripening in autumn olive (*Elaeagnus umbellata* Thunb.). *Journal of Horticultural Science & Biotechnology* 88, 617-623 (2013).
222. Tchagang, A. a kol. TOWARDS THE RECONSTRUCTION OF BRASSICA NAPUS SEED DEVELOPMENT FA METABOLISM DYNAMIC REGULATORY MAP. (2009).
223. Victor, K. J., Fennell, A. Y. & Grimplet, J. Proteomic analysis of shoot tissue during photoperiod induced growth cessation in *V. riparia* Michx. grapevines. *Proteome Science* 8, doi:10.1186/1477-5956-8-44 (2010).
224. Wallis, J. G. & Browse, J. Lipid biochemists salute the genome. *Plant Journal* 61, 1092-1106, doi:10.1111/j.1365-313X.2010.04125.x (2010).
225. Wang, W., Tai, F. & Hu, X. Current Initiatives in Proteomics of the Olive Tree. (2010).
226. Weselake, R. J., Taylor, D. C., Shah, S., Laroche, A. & Harwood, J. L. Molecular Strategies for Increasing Seed Oil Content. (2009).
227. Xu, H. a kol. Proteomic analysis of embryo development in rice (*Oryza sativa*). *Planta* 235, 687-701, doi:10.1007/s00425-011-1535-4 (2012).
228. Xu, S. B. a kol. Dynamic proteomic analysis reveals a switch between central carbon metabolism and alcoholic fermentation in rice filling grains. *Plant Physiology* 148, 908-925, doi:10.1104/pp.108.125633 (2008).
229. Yang, M., Shi, L., Xu, F. S. & Wang, Y. H. Effect of Boron on Dynamic Change of Seed Yield and Quality Formation in Developing Seed of Brassica napus. *Journal of Plant Nutrition* 32, 785-797, doi:10.1080/01904160902787883 (2009).
230. Yao, Y., Sun, H., Xu, F., Zhang, X. & Liu, S. Comparative proteome analysis of metabolic changes by low phosphorus stress in two Brassica napus genotypes. *Planta* 233, 523-537, doi:10.1007/s00425-010-1311-x (2011).
231. Zhan, G.-m., Tong, J., Wang, H.-z. & Hua, W. Molecular Analysis and Expression Patterns of Four 14-3-3 Genes from Brassica napus L. *Agricultural Sciences in China* 9, 942-950, doi:10.1016/s1671-2927(09)60175-9 (2010).
232. Zhang, A. a kol. Comparative proteomic analysis provides new insights into the regulation of carbon metabolism during leaf senescence of rice grown under field conditions. *Journal of Plant Physiology* 167, 1380-1389, doi:10.1016/j.jplph.2010.05.011 (2010).

Hajdуч M, Ganapathy A, Stein WJ, Thelen JJ (2005) A systematic proteomic study of seed-filling in soybean: establishment of high-resolution two-dimensional reference maps, expression profiles, and an interactive proteome database. *Plant Physiology* 137, 1397-1419

Citácie:

233. Barvkar, V. T. a kol. Proteome Profiling of Flax (*Linum usitatissimum*) Seed: Characterization of Functional Metabolic Pathways Operating during Seed Development. *Journal of Proteome Research* 11, 6264-6276, doi:10.1021/pr300984r (2012).
234. Schmidt, M. A. a kol. Silencing of Soybean Seed Storage Proteins Results in a Rebalanced Protein Composition Preserving Seed Protein Content without Major Collateral Changes in the Metabolome and Transcriptome. *Plant Physiology* 156, 330-345, doi:10.1104/pp.111.173807 (2011).
235. Cristina Romero-Rodriguez, M., Maldonado-Alconada, A. M., Valledor, L. & JorriNovo, J. V. in *Plant Proteomics: Methods and Protocols*, 2nd Edition Vol. 1072 *Methods in Molecular Biology* (eds J. V. JorriNovo, S. Komatsu, W. Weckwerth, & S. Wienkoop) 379-389 (2014).
236. Liu, H. a kol. Proteomic analysis of the seed development in *Jatropha curcas*: From carbon flux to the lipid accumulation. *Journal of Proteomics* 91, 23-40, doi:10.1016/j.jprot.2013.06.030 (2013).

237. Hayden, D. M. a kol. Cofactome analyses reveal enhanced flux of carbon into oil for potential biofuel production. *Plant Journal* 67, 1018-1028, doi:10.1111/j.1365-313X.2011.04654.x (2011).
238. Balbuena, T. S., Salas, J. J., Martinez-Force, E., Garces, R. & Thelen, J. J. Proteome Analysis of Cold Acclimation in Sunflower. *Journal of Proteome Research* 10, 2330-2346, doi:10.1021/pr101137q (2011).
239. Zi, J. a kol. Stress Responsive Proteins Are Actively Regulated during Rice (*Oryza sativa*) Embryogenesis as Indicated by Quantitative Proteomics Analysis. *Plos One* 8, doi:10.1371/journal.pone.0074229 (2013).
240. Lazaro-Mixteco, P. E. a kol. The Absence of Heat Shock Protein HSP101 Affects the Proteome of Mature and Germinating Maize Embryos. *Journal of Proteome Research* 11, 3246-3258, doi:10.1021/pr3000046 (2012).
241. Zi, J. a kol. Proteomics study of rice embryogenesis: Discovery of the embryogenesis-dependent globulins. *Electrophoresis* 33, 1129-1138, doi:10.1002/elps.201100398 (2012).
242. Luque-Garcia, J. L., Cabezas-Sanchez, P. & Camara, C. Proteomics as a tool for examining the toxicity of heavy metals. *Trac-Trends in Analytical Chemistry* 30, 703-716, doi:10.1016/j.trac.2011.01.014 (2011).
243. Natarajan, S., Luthria, D., Bae, H., Lakshman, D. & Mitra, A. Transgenic Soybeans and Soybean Protein Analysis: An Overview. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 61, 11736-11743, doi:10.1021/jf402148e (2013).
244. Bolon, Y.-T. a kol. Complementary genetic and genomic approaches help characterize the linkage group I seed protein QTL in soybean. *Bmc Plant Biology* 10, doi:10.1186/1471-2229-10-41 (2010).
245. Dam, S. a kol. The Proteome of Seed Development in the Model Legume *Lotus japonicus*. *Plant Physiology* 149, 1325-1340, doi:10.1104/pp.108.133405 (2009).
246. Hashiguchi, A., Ahsan, N. & Komatsu, S. Proteomics application of crops in the context of climatic changes. *Food Research International* 43, 1803-1813, doi:10.1016/j.foodres.2009.07.033 (2010).
247. Hashiguchi, A., Sakata, K. & Komatsu, S. Proteome Analysis of Early-Stage Soybean Seedlings under Flooding Stress. *Journal of Proteome Research* 8, 2058-2069, doi:10.1021/pr801051m (2009).
248. Hossain, Z. & Komatsu, S. in *Plant Proteomics: Methods and Protocols*, 2nd Edition Vol. 1072 *Methods in Molecular Biology* (eds J. V. JorriNovo, S. Komatsu, W. Weckwerth, & S. Wienkoop) 315-331 (2014).
249. Komatsu, S. & Ahsan, N. Soybean proteomics and its application to functional analysis. *Journal of Proteomics* 72, 325-336, doi:10.1016/j.jprot.2008.10.001 (2009).
250. Li, X. & Dhaubhadel, S. Soybean 14-3-3 gene family: identification and molecular characterization. *Planta* 233, 569-582, doi:10.1007/s00425-010-1315-6 (2011).
251. Nautrup-Pedersen, G. a kol. Proteome Analysis of Pod and Seed Development in the Model Legume *Lotus japonicus*. *Journal of Proteome Research* 9, 5715-5726, doi:10.1021/pr100511u (2010).
252. Thompson, R., Burstin, J. & Gallardo, K. Post-Genomics Studies of Developmental Processes in Legume Seeds. *Plant Physiology* 151, 1023-1029, doi:10.1104/pp.109.143966 (2009).
253. Xu, X.-y., Fan, R., Zheng, R., Li, C.-m. & Yu, D.-y. Proteomic analysis of seed germination under salt stress in soybeans. *Journal of Zhejiang University-Science B* 12, 507-517, doi:10.1631/jzus.B1100061 (2011).
254. Pawlowski, T. Seed proteomics. *Biotechnologia (Poznan)*, 104-118 (2009).
255. Rode, C. a kol. Enolases: storage compounds in seeds? Evidence from a proteomic comparison of zygotic and somatic embryos of *Cyclamen persicum* Mill. *Plant Molecular Biology* 75, 305-319, doi:10.1007/s11103-010-9729-x (2011).
256. Islam, S., Yan, G., Appels, R. & Ma, W. Comparative proteome analysis of seed storage and allergenic proteins among four narrow-leaved lupin cultivars. *Food Chemistry* 135, 1230-1238, doi:10.1016/j.foodchem.2012.05.081 (2012).
257. Jiang, J. a kol. Proteomic differences in seed filling between yellow-seeded progeny of *Brassica napus*-*Sinapis alba* (Brassicaceae) and black-seeded parent *B. napus*. *Russian Journal of Genetics* 48, 396-403, doi:10.1134/s1022795412020081 (2012).
258. Joet, T. a kol. Metabolic pathways in tropical dicotyledonous albuminous seeds: *Coffea arabica* as a case study. *New Phytologist* 182, 146-162, doi:10.1111/j.1469-8137.2008.02742.x (2009).

259. Liu, H. a kol. Comparative proteomic analysis of longan (*Dimocarpus longan* Lour.) seed abortion. *Planta* 231, 847-860, doi:10.1007/s00425-009-1093-1 (2010).
260. Mechin, V., Thevenot, C., Le Guilloux, M., Prioul, J.-L. & Damerval, C. Developmental analysis of maize endosperm proteome suggests a pivotal role for pyruvate orthophosphate dikinase. *Plant Physiology* 143, 1203-1219, doi:10.1104/pp.106.092148 (2007).
261. Xu, S. B. a kol. Dynamic proteomic analysis reveals a switch between central carbon metabolism and alcoholic fermentation in rice filling grains. *Plant Physiology* 148, 908-925, doi:10.1104/pp.108.125633 (2008).
262. Zhan, G.-m., Tong, J., Wang, H.-z. & Hua, W. Molecular Analysis and Expression Patterns of Four 14-3-3 Genes from *Brassica napus* L. *Agricultural Sciences in China* 9, 942-950, doi:10.1016/s1671-2927(09)60175-9 (2010).
263. Zhang, A. a kol. Comparative proteomic analysis provides new insights into the regulation of carbon metabolism during leaf senescence of rice grown under field conditions. *Journal of Plant Physiology* 167, 1380-1389, doi:10.1016/j.jplph.2010.05.011 (2010).
264. Afroz, A., Hashiguchi, A., Khan, M. R. & Komatsu, S. Analyses of the Proteomes of the Leaf, Hypocotyl, and Root of Young Soybean Seedlings. *Protein and Peptide Letters* 17, 319-331 (2010).
265. Afzal, A. J. a kol. The Nematode Resistance Allele at the *rhg1* Locus Alters the Proteome and Primary Metabolism of Soybean Roots. *Plant Physiology* 151, 1264-1280, doi:10.1104/pp.109.138149 (2009).
266. Afzal, A. J. a kol. Recombination suppression at the dominant *Rhg1/Rfs2* locus underlying soybean resistance to the cyst nematode. *Theoretical and Applied Genetics* 124, 1027-1039, doi:10.1007/s00122-011-1766-6 (2012).
267. Ahsan, N. & Komatsu, S. Comparative analyses of the proteomes of leaves and flowers at various stages of development reveal organ-specific functional differentiation of proteins in soybean. *Proteomics* 9, 4889-4907, doi:10.1002/pmic.200900308 (2009).
268. Asakura, T. a kol. Global gene expression profiles in developing soybean seeds. *Plant Physiology and Biochemistry* 52, 147-153, doi:10.1016/j.plaphy.2011.12.007 (2012).
269. Batista, R., Martins, I., Jenoe, P., Ricardo, C. P. & Oliveira, M. M. A proteomic study to identify soya allergens - The human response to transgenic versus non-transgenic soya samples. *International Archives of Allergy and Immunology* 144, 29-38, doi:10.1159/0001023611 (2007).
270. Boudet, J. a kol. Comparative analysis of the heat stable proteome of radicles of *Medicago truncatula* seeds during germination identifies late embryogenesis abundant proteins associated with desiccation tolerance. *Plant Physiology* 140, 1418-1436, doi:10.1104/pp.105.074039 (2006).
271. Bourgeois, M. a kol. Dissecting the proteome of pea mature seeds reveals the phenotypic plasticity of seed protein composition. *Proteomics* 9, 254-271, doi:10.1002/pmic.200700903 (2009).
272. Brambilla, F., Resta, D., Isak, I., Zanotti, M. & Arnoldi, A. A label-free internal standard method for the differential analysis of bioactive lupin proteins using nano HPLC-Chip coupled with Ion Trap mass spectrometry. *Proteomics* 9, 272-286, doi:10.1002/pmic.200800317 (2009).
273. Brechenmacher, L. a kol. Establishment of a Protein Reference Map for Soybean Root Hair Cells. *Plant Physiology* 149, 670-682, doi:10.1104/pp.108.131649 (2009).
274. Buensanteai, N., Yuen, G. Y. & Prathuangwong, S. Priming, signaling, and protein production associated with induced resistance by *Bacillus amyloliquefaciens* KPS46. *World Journal of Microbiology & Biotechnology* 25, 1275-1286, doi:10.1007/s11274-009-0014-6 (2009).
275. Burstin, J., Gallardo, K., Mir, R. R., Varshney, R. K. & Duc, G. Improving Protein Content and Nutrition Quality. *Biology and Breeding of Food Legumes*, 314-328 (2011).
276. Calbrix, R. G., Beilinson, V., Stalker, H. T. & Nielsen, N. C. Diversity of Seed Storage Proteins of *Arachis hypogaea* and Related Species. *Crop Science* 52, 1676-1688, doi:10.2135/cropsci2011.08.0430 (2012).
277. Castro-Rubio, F., Marina, M. L. & Garcia, M. C. Perfusion reversed-phase high-performance liquid chromatography/mass spectrometry analysis of intact soybean proteins for the characterization of soybean cultivars. *Journal of Chromatography A* 1170, 34-43, doi:10.1016/j.chroma.2007.09-035 (2007).
278. Chen, S. & Harmon, A. C. Advances in plant proteomics. *Proteomics* 6, 5504-5516, doi:10.1002/pmic.200600143 (2006).

279. Clemente, T. E. & Cahoon, E. B. Soybean Oil: Genetic Approaches for Modification of Functionality and Total Content. *Plant Physiology* 151, 1030-1040, doi:10.1104/pp.109.146282 (2009).
280. Dai, S. a kol. Proteomics identification of differentially expressed proteins associated with pollen germination and tube growth reveals characteristics of germinated *Oryza sativa* pollen. *Molecular & Cellular Proteomics* 6, 207-230, doi:10.1074/mcp.M600146-MCP200 (2007).
281. De La Fuente, M. a kol. 2-DE-based proteomic analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seeds. *Journal of Proteomics* 74, 262-267, doi:10.1016/j.jprot.2010.10.004 (2011).
282. Dhaubhadel, S., Gijzen, M., Moy, P. & Farhangkhoe, M. Transcriptome analysis reveals a critical role of CHS7 and CHS8 genes for isoflavonoid synthesis in soybean seeds. *Plant Physiology* 143, 326-338, doi:10.1104/pp.106.086306 (2007).
283. EstevesVieira, L. G. a kol. Brazilian coffee genome project: an EST-based genomic resource. *Brazilian Journal of Plant Physiology* 18, 95-108, doi:10.1590/s1677-04202006000100008 (2006).
284. Faeste, C. K., Ronning, H. T., Christians, U. & Granum, P. E. Liquid Chromatography and Mass Spectrometry in Food Allergen Detection. *Journal of Food Protection* 74, 316-345, doi:10.4315/0362-028x.jfp-10-336 (2011).
285. Fait, A. a kol. Arabidopsis seed development and germination is associated with temporally distinct metabolic switches. *Plant Physiology* 142, 839-854, doi:10.1104/pp.106.086694 (2006).
286. Farinha, A. P., Irar, S., de Oliveira, E., Margarida Oliveira, M. & Pages, M. Novel clues on abiotic stress tolerance emerge from embryo proteome analyses of rice varieties with contrasting stress adaptation. *Proteomics* 11, 2389-2405, doi:10.1002/pmic.201000570 (2011).
287. Fujiwara, M., Umemura, K., Kawasaki, T. & Shimamoto, K. Proteomics of Rac GTPase signaling reveals its predominant role in elicitor-induced defense response of cultured rice cells. *Plant Physiology* 140, 734-745, doi:10.1104/pp.105.068395 (2006).
288. Gagnon, C., Poysa, V., Cober, E. R. & Gleddie, S. Soybean Allergens Affecting North American Patients Identified by 2D Gels and Mass Spectrometry. *Food Analytical Methods* 3, 363-374, doi:10.1007/s12161-009-9090-3 (2010).
289. Gallardo, K. a kol. A combined proteome and transcriptome analysis of developing *Medicago truncatula* seeds. *Molecular & Cellular Proteomics* 6, 2165-2179, doi:10.1074/mcp.M700171-MCP200 (2007).
290. Gallardo, K., Thompson, R. & Burstin, J. Reserve accumulation in legume seeds. *Comptes Rendus Biologies* 331, 755-762, doi:10.1016/j.crv.2008.07.017 (2008).
291. Gong, C. Y., Li, Q., Yu, H. T., Wang, Z. & Wang, T. Proteomics Insight into the Biological Safety of Transgenic Modification of Rice As Compared with Conventional Genetic Breeding and Spontaneous Genotypic Variation. *Journal of Proteome Research* 11, 3019-3029, doi:10.1021/pr300148w (2012).
292. Guo, G. a kol. Proteome characterization of developing grains in bread wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.). *Bmc Plant Biology* 12, doi:10.1186/1471-2229-12-147 (2012).
293. Hakeem, K. R., Chandna, R., Ahmad, P., Iqbal, M. & Ozturk, M. Relevance of Proteomic Investigations in Plant Abiotic Stress Physiology. *Omics-a Journal of Integrative Biology* 16, 621-635, doi:10.1089/omi.2012.0041 (2012).
294. Hochholdinger, F. a kol. Proteomic dissection of plant development. *Proteomics* 6, 4076-4083, doi:10.1002/pmic200500851 (2006).
295. Hollung, K. a kol. Evaluation of nonstarch polysaccharides and oligosaccharide content of different soybean varieties (*Glycine max*) by near-infrared spectroscopy and proteomics. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 53, 9112-9121, doi:10.1021/jf051438r (2005).
296. Hu, G. a kol. Genomically Biased Accumulation of Seed Storage Proteins in Allopolyploid Cotton. *Genetics* 189, 1103-U1602, doi:10.1534/genetics.111.132407 (2011).
297. Hurkman, W. J. & Tanaka, C. K. High-resolution two-dimensional gel electrophoresis: A cornerstone of plant proteomics. (2007).
298. Joseph, L. M., Hymowitz, T., Schmidt, M. A. & Herman, E. M. Evaluation of Glycine germplasm for nulls of the immunodominant allergen P34/Gly m Bd 30k. *Crop Science* 46, 1755-1763, doi:10.2135/cropsci2005.12-0500 (2006).
299. Kaushik, V., Yadav, M. K. & Bhatla, S. C. Temporal and spatial analysis of lipid accumulation, oleosin expression and fatty acid partitioning during seed development in

- sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Acta Physiologiae Plantarum* 32, 199-204, doi:10.1007/s11738-009-0378-0 (2010).
300. Kazlowski, B., Chen, M.-R., Chao, P.-M., Lai, C.-C. & Ko, Y.-T. Identification and Roles of Proteins for Seed Development in Mungbean (*Vigna radiata* L.) Seed Proteomes. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 61, 6650-6659, doi:10.1021/jf401170g (2013).
 301. Khan, S. A. a kol. Confirmation of sunflower F-1 hybrids using SDS-PAGE analysis. *African Journal of Biotechnology* 9 (2010).
 302. Kim, S. a kol. An atypical soybean leucine-rich repeat receptor-like kinase, GmLRK1, may be involved in the regulation of cell elongation. *Planta* 229, 811-821, doi:10.1007/s00425-008-0873-3 (2009).
 303. Koh, J. a kol. Comparative proteomics of the recently and recurrently formed natural allopolyploid *Tragopogon mirus* (Asteraceae) and its parents. *New Phytologist* 196, 292-305, doi:10.1111/j.1469-8137.2012.04251.x (2012).
 304. Komatsu, S. Plant proteomics databases: Their status in 2005. *Current Bioinformatics* 1, 33-36, doi:10.2174/157489306775330651 (2006).
 305. Komatsu, S., Hiraga, S. & Yanagawa, Y. Proteomics Techniques for the Development of Flood Tolerant Crops. *Journal of Proteome Research* 11, 68-78, doi:10.1021/pr2008863 (2012).
 306. Komatsu, S., Toorchi, M. & Yukawa, K. Soybean proteomics. *Current Proteomics* 4, 182-186, doi:10.2174/157016407783221358 (2007).
 307. Kottapalli, K. R. a kol. Physiology and proteomics of the water-deficit stress response in three contrasting peanut genotypes. *Plant Cell and Environment* 32, 380-407, doi:10.1111/j.1365-3040.2009.01933.x (2009).
 308. Krishnan, H. B., Natarajan, S. S., Mahmoud, A. A. & Nelson, R. L. Identification of glycinin and beta-conglycinin subunits that contribute to the increased protein content of high-protein soybean lines. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 55, 1839-1845, doi:10.1021/jf062497n (2007).
 309. Le, B. H. a kol. Using genomics to study legume seed development. *Plant Physiology* 144, 562-574, doi:10.1104/pp.107.100362 (2007).
 310. Lebska, M. a kol. Phosphorylation of Maize Eukaryotic Translation Initiation Factor 5A (eIF5A) by Casein Kinase 2 IDENTIFICATION OF PHOSPHORYLATED RESIDUE AND INFLUENCE ON INTRACELLULAR LOCALIZATION OF eIF5A. *Journal of Biological Chemistry* 285, 6217-6226, doi:10.1074/jbc.M109.018770 (2010).
 311. Lei, Z., Nagaraj, S., Watson, B. S. & Sumner, L. W. Proteomics of *Medicago truncatula*. (2007).
 312. Leitner, A., Castro-Rubio, F., Marina, M. L. & Lindner, W. Identification of marker proteins for the adulteration of meat products with soybean proteins by multidimensional liquid chromatography - Tandem mass spectrometry. *Journal of Proteome Research* 5, 2424-2430, doi:10.1021/pr060145q (2006).
 313. Leprince, O. & Buitink, J. Desiccation tolerance: From genomics to the field. *Plant Science* 179, 554-564, doi:10.1016/j.plantsci.2010.02.011 (2010).
 314. Lewandowska-Gnatowska, E. a kol. Using multiplex-staining to study changes in the maize leaf phosphoproteome in response to mechanical wounding. *Phytochemistry* 72, 1285-1292, doi:10.1016/j.phytochem.2011.01.030 (2011).
 315. Li, C.-M., Yang, S.-P., Gai, J.-Y. & Yu, D.-Y. Comparative proteomic analysis of wild (*Glycine soja*) and cultivated (*Glycine max*) soybean seeds. *Progress in Biochemistry and Biophysics* 34, 1296-1302 (2007).
 316. Liu, H., Yang, Z., Yang, M. & Shen, S. The differential proteome of endosperm and embryo from mature seed of *Jatropha curcas*. *Plant Science* 181, 660-666, doi:10.1016/j.plantsci.2011.03.012 (2011).
 317. Livingstone, D. a kol. Reduction of protease inhibitor activity by expression of a mutant Bowman-Birk gene in soybean seed. *Plant Molecular Biology* 64, 397-408, doi:10.1007/s11103-007-9163-x (2007).
 318. Maezato, Y., Johnson, T., McCarthy, S., Dana, K. & Blum, P. Metal Resistance and Lithoautotrophy in the Extreme Thermoacidophile *Metallosphaera sedula*. *Journal of Bacteriology* 194, 6856-6863, doi:10.1128/jb.01413-12 (2012).
 319. Magni, C. a kol. Combined 2D electrophoretic approaches for the study of white lupin mature seed storage proteome. *Phytochemistry* 68, 997-1007, doi:10.1016/j.phytochem.2007.01.003 (2007).

320. Majeran, W., Cai, Y., Sun, Q. & van Wijk, K. J. Functional differentiation of bundle sheath and mesophyll maize chloroplasts determined by comparative proteomics. *Plant Cell* 17, 3111-3140, doi:10.1105/tpc.105.035519 (2005).
321. Mataveli, L. R. V., Pohl, P., Mounicou, S., Zezzi Arruda, M. A. & Szpunar, J. A comparative study of element concentrations and binding in transgenic and non-transgenic soybean seeds. *Metallomics* 2, 800-805, doi:10.1039/c0mt00040j (2010).
322. Matsumoto, R. a kol. Search for novel stress-responsive protein components using a yeast mutant lacking two cytosolic hsp70 genes, SSA1 and SSA2. *Molecules and Cells* 21, 381-388 (2006).
323. Meng, Q., Zhang, C., Gai, J. & Yu, D. Molecular cloning, sequence characterization and tissue-specific expression of six NAC-like genes in soybean (*Glycine max* (L.) Merr.). *Journal of Plant Physiology* 164, 1002-1012, doi:10.1016/j.jptph.2006.05.019 (2007).
324. Mesquita, R. O., Soares, E. d. A., de Barros, E. G. & Loureiro, M. E. Method optimization for proteomic analysis of soybean leaf: Improvements in identification of new and low-abundance proteins. *Genetics and Molecular Biology* 35, 353-361 (2012).
325. Moravec, T., Schmidt, M. A., Herman, E. M. & Woodford-Thomas, T. Production of *Escherichia coli* heat labile toxin (LT) B subunit in soybean seed and analysis of its immunogenicity as an oral vaccine. *Vaccine* 25, 1647-1657, doi:10.1016/j.vaccine.2006.11.010 (2007).
326. Nadaud, I. a kol. Proteomic and morphological analysis of early stages of wheat grain development. *Proteomics* 10, 2901-2910, doi:10.1002/pmic.200900792 (2010).
327. Ndamukong, I., Lapko, H., Cerny, R. L. & Avramova, Z. A cytoplasm-specific activity encoded by the *Triithorax*-like ATX1 gene. *Nucleic Acids Research* 39, 4709-4718, doi:10.1093/nar/gkq1300 (2011).
328. Nishizawaa, K. & Ishimoto, M. Maturation of somatic embryos as a model for soybean seed development. *Plant Biotechnology* 26, 543-550, doi:10.5511/plantbiotechnology.26.543 (2009).
329. Ocana, M. F. DETECTION OF TARGET PEPTIDES IN FOODS AND FEEDS BY MASS SPECTROMETRY. (2008).
330. Ocana, M. F., Fraser, P. D., Patel, R. K. P., Halket, J. M. & Bramley, P. M. Mass spectrometric detection of CP4 EPSPS in genetically modified soya and maize. *Rapid Communications in Mass Spectrometry* 21, 319-328, doi:10.1002/rcm.2819 (2007).
331. Oliveira, H. D. a kol. Gm-TX, a new toxic protein from soybean (*Glycine max*) seeds with potential for controlling insect pests. *Process Biochemistry* 45, 634-640, doi:10.1016/j.procbio.2009.12.012 (2010).
332. Picariello, G., Amigo-Benavent, M., del Castillo, M. D. & Ferranti, P. Structural characterization of the N-glycosylation of individual soybean beta-conglycinin subunits. *Journal of Chromatography A* 1313, 96-102, doi:10.1016/j.chroma.2013.09.014 (2013).
333. Plaxton, W. C. & Podesta, F. E. The functional organization and control of plant respiration. *Critical Reviews in Plant Sciences* 25, 159-198, doi:10.1080/07352680600563876 (2006).
334. Plomion, C. a kol. Mapping the proteome of poplar and application to the discovery of drought-stress responsive proteins. *Proteomics* 6, 6509-6527, doi:10.1002/pmic.200600362 (2006).
335. Rampitsch, C. & Srinivasan, M. The application of proteomics to plant biology: a review. *Canadian Journal of Botany-Revue Canadienne De Botanique* 84, 883-892, doi:10.1139/b06-061 (2006).
336. Repetto, O. a kol. Exploring the nuclear proteome of *Medicago truncatula* at the switch towards seed filling. *Plant Journal* 56, 398-410, doi:10.1111/j.1365-3113.2008.03610.x (2008).
337. Rode, C., Lindhorst, K., Braun, H.-P. & Winkelmann, T. From callus to embryo: a proteomic view on the development and maturation of somatic embryos in *Cyclamen persicum*. *Planta* 235, 995-1011, doi:10.1007/s00425-011-1554-1 (2012).
338. Rode, C., Senkler, M., Klodmann, J., Winkelmann, T. & Braun, H.-P. GelMap-A novel software tool for building and presenting proteome reference maps. *Journal of Proteomics* 74, 2214-2219, doi:10.1016/j.jprot.2011.06.017 (2011).
339. Ruan, S.-L. a kol. Advances in plant proteomics II. Application of proteome techniques to plant biology research. *Yichuan* 28, 1633-1648 (2006).
340. Sahnoun-Abid, I. a kol. Proteomic characterisation of subclover seed storage proteins during germination. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 89, 1787-1801, doi:10.1002/jsfa.3666 (2009).

341. Sakata, K. & Komatsu, S. in *Plant Proteomics: Methods and Protocols*, 2nd Edition Vol. 1072 *Methods in Molecular Biology* (eds J. V. JorriNovo, S. Komatsu, W. Weckwerth, & S. Wienkoop) 29-42 (2014).
342. Sakata, K. a kol. Soybean Proteome Database: A Data Resource for Plant Differential Omics. *Journal of Proteome Research* 8, 3539-3548, doi:10.1021/pr900229k (2009).
343. Salekdeh, G. H. & Komatsu, S. Crop proteomics: Aim at sustainable agriculture of tomorrow. *Proteomics* 7, 2976-2996, doi:10.1002/pmic.200700181 (2007).
344. Salvato, F. & da Cruz Gallo de Carvalho, M. C. Methods and strategies in proteomics and their applications in plants. *Ciencia Rural* 40, 727-734, doi:10.1590/s0103-84782010005000018 (2010).
345. Schelert, J., Rudrappa, D., Johnson, T. & Blum, P. Role of MerH in mercury resistance in the archaeon *Sulfolobus solfataricus*. *Microbiology-Sgm* 159, 1198-1208, doi:10.1099/mic.0.065854-0 (2013).
346. Schmidt, M. A. & Herman, E. M. Suppression of Soybean Oleosin Produces Micro-Oil Bodies that Aggregate into Oil Body/ER Complexes. *Molecular Plant* 1, 910-924, doi:10.1093/mp/ssn049 (2008).
347. Schmidt, M. A. & Herman, E. M. Proteome rebalancing in soybean seeds can be exploited to enhance foreign protein accumulation. *Plant Biotechnology Journal* 6, 832-842, doi:10.1111/j.1467-7652.2008.00364.x (2008).
348. Scippa, G. S. a kol. The proteome of lentil (*Lens culinaris* Medik.) seeds: Discriminating between landraces. *Electrophoresis* 31, 497-506, doi:10.1002/elps.200900459 (2010).
349. Serrano, I., Romero-Puertas, M. C., Rodriguez-Serrano, M., Sandalio, L. M. & Olmedilla, A. Peroxynitrite mediates programmed cell death both in papillar cells and in self-incompatible pollen in the olive (*Olea europaea* L.). *Journal of Experimental Botany* 63, 1479-1493, doi:10.1093/jxb/err392 (2012).
350. Sghaier-Hammami, B., Valledor, L., Drira, N. & JorriNovo, J. V. Proteomic analysis of the development and germination of date palm (*Phoenix dactylifera* L.) zygotic embryos. *Proteomics* 9, 2543-2554, doi:10.1002/pmic.200800523 (2009).
351. Sheffield, J., Taylor, N., Fauquet, C. & Chen, S. X. The cassava (*Manihot esculenta* Crantz) root proteome: Protein identification and differential expression. *Proteomics* 6, 1588-1598, doi:10.1002/pmic.200500503 (2006).
352. Shi, T. a kol. Comparative proteomic analysis of pistil abortion in Japanese apricot (*Prunus mume* Sieb. et Zucc). *Journal of Plant Physiology* 169, 1301-1310, doi:10.1016/j.jplph.2012.05.009 (2012).
353. Singh, R. K., Khan, M. S., Garg, N., Kumar, P. R. & Chauhan, G. S. Recent Advances in Soybean Genomics and Bioinformatics. (2008).
354. Takac, T. a kol. Proteomics on Brefeldin A-Treated Arabidopsis Roots Reveals Profilin 2 as a New Protein Involved in the Cross-Talk between Vesicular Trafficking and the Actin Cytoskeleton. *Journal of Proteome Research* 10, 488-501, doi:10.1021/pr100690f (2011).
355. Takac, T. a kol. Wortmannin Treatment Induces Changes in Arabidopsis Root Proteome and Post-Golgi Compartments. *Journal of Proteome Research* 11, 3127-3142, doi:10.1021/pr201111n (2012).
356. Takac, T., Pechan, T., Samajova, O. & Samaj, J. Vesicular Trafficking and Stress Response Coupled to PI3K Inhibition by LY294002 as Revealed by Proteomic and Cell Biological Analysis. *Journal of Proteome Research* 12, 4435-4448, doi:10.1021/pr400466x (2013).
357. Tao, P. & Wang, J. B. Identification and characterization of transcripts differentially expressed during embryogenesis in *Capsella bursa-pastoris*. *Biologia Plantarum* 56, 415-421, doi:10.1007/s10535-012-0058-6 (2012).
358. Thornton, B. J., Elthon, T. E., Cerny, R. L. & Siegfried, B. D. Proteomic analysis of atrazine exposure in *Drosophila melanogaster* (Diptera: Drosophilidae). *Chemosphere* 81, 235-241, doi:10.1016/j.chemosphere.2010.06.032 (2010).
359. Uvackova, L. u., Takac, T., Boehm, N., Obert, B. & Samaj, J. Proteomic and biochemical analysis of maize anthers after cold pretreatment and induction of androgenesis reveals an important role of anti-oxidative enzymes. *Journal of Proteomics* 75, 1886-1894, doi:10.1016/j.jprot.2011.12.033 (2012).
360. Vyetrogon, K., Tebbji, F., Olson, D. J. H., Ross, A. R. S. & Matton, D. P. A comparative proteome and phosphoproteome analysis of differentially regulated proteins

- during fertilization in the self-incompatible species *Solanum chacoense* Bitt. *Proteomics* 7, 232-247, doi:10.1002/pmic.200600399 (2007).
361. Waclawovsky, A. J., Freitas, R. L., Rocha, C. S., Contim, L. A. S. & Fontes, E. P. B. Combinatorial regulation modules on GmSBP2 promoter: A distal cis-regulatory domain confines the SBP2 promoter activity to the vascular tissue in vegetative organs. *Biochimica Et Biophysica Acta-Gene Structure and Expression* 1759, 89-98, doi:10.1016/j.bbaexp.2006.02.002 (2006).
 362. Wang, C., Zhu, Y.-l., Yang, L.-f., Zhang, G.-w. & Chen, G. Expression Levels of Globulins in Vegetable Soybean Seeds under NaCl Stress. *Xibei Zhiwu Xuebao* 28, 2145-2153 (2008).
 363. Wang, Q. a kol. Fruit differential protein patterns in strawberry cultivars susceptible or resistant to grey mould. *Archives of Phytopathology and Plant Protection* 46, 813-824, doi:10.1080/03235408.2012.752619 (2013).
 364. Wang, X. a kol. Desiccation Tolerance Mechanism in Resurrection Fern-Ally *Selaginella tamariscina* Revealed by Physiological and Proteomic Analysis. *Journal of Proteome Research* 9, 6561-6577, doi:10.1021/pr100767k (2010).
 365. Wang, Y. a kol. The small ubiquitin-like modifier (SUMO) and SUMO-conjugating system of *Chlamydomonas reinhardtii*. *Genetics* 179, 177-192, doi:10.1534/genetics.108.089128 (2008).
 366. Waterworth, W. M. & Bray, C. M. Seed development transporting into the post-genomic era. (2007).
 367. Wong, J. H. Y. a kol. Structural insight into dynamic bypass of the major cisplatin-DNA adduct by Y-family polymerase Dpo4. *Embo Journal* 29, 2059-2069, doi:10.1038/emboj.2010.101 (2010).
 368. Wu, L., El-Mezawy, A. & Shah, S. Isolation and evaluation of three novel native promoters in *Brassica napus*. *Botany-Botanique* 91, 414-419, doi:10.1139/cjb-2012-0245 (2013).
 369. Xin, X. a kol. Proteome analysis of maize seeds: the effect of artificial ageing. *Physiologia Plantarum* 143, 126-138, doi:10.1111/j.1399-3054.2011.01497.x (2011).
 370. Xu, X.-Y., Zheng, R., Li, C.-M., Gai, J.-Y. & Yu, D.-Y. Differential proteomic analysis of seed germination in soybean. *Progress in Biochemistry and Biophysics* 33, 1106-1112 (2006).
 371. Yin, G. a kol. Mitochondrial Damage in the Soybean Seed Axis During Imbibition at Chilling Temperatures. *Plant and Cell Physiology* 50, 1305-1318, doi:10.1093/pcp/pcp074 (2009).
 372. Zarkadas, C. G. a kol. Assessment of the protein quality of fourteen soybean *Glycine max* (L.) Merr. cultivars using amino acid analysis and two-dimensional electrophoresis. *Food Research International* 40, 129-146, doi:10.1016/j.foodres.2006.08.006 (2007).
 373. Zarkadas, C. G. a kol. Protein quality and identification of the storage protein subunits of tofu and null soybean genotypes, using amino acid analysis, one- and two-dimensional gel electrophoresis, and tandem mass spectrometry. *Food Research International* 40, 111-128, doi:10.1016/j.foodres.2006.08.005 (2007).
 374. Zhang, C. a kol. Characterization of O-Acetylserine(Thiol)Lyase-Encoding Genes Reveals Their Distinct but Cooperative Expression in Cysteine Synthesis of Soybean *Glycine max* (L.) Merr. *Plant Molecular Biology Reporter* 26, 277-291, doi:10.1007/s11105-008-0047-2 (2008).
 375. Zhang, W.-H. a kol. Nutrient loading of developing seeds. *Functional Plant Biology* 34, 314-331, doi:10.1071/fp06271 (2007).
 376. Zhen, Y. a kol. Comparative proteome analysis of differentially expressed proteins induced by Al toxicity in soybean. *Physiologia Plantarum* 131, 542-554, doi:10.1111/j.1399-3054.2007.00979.x (2007).
 377. Zhu, W. a kol. Comparative proteomics analysis of developing peanut aerial and subterranean pods identifies pod swelling related proteins. *Journal of Proteomics* 91, 172-187, doi:10.1016/j.jprot.2013.07.002 (2013).

9 SUMMARY

Plant development is well described. However, full understanding of the regulation of processes associated with plant development is still missing. Present Dr.Sc. thesis advances our understanding of the regulation of plant development by quantitative proteomics analyses of seed development of soybean, canola, castor, flax, and model plant arabidopsis in control and environmentally challenged environments. The analysis of greenhouse-grown soybean, canola, castor, and arabidopsis provided complex characterization of metabolic processes during seed development, for instance, of carbon assimilation into fatty acids. Furthermore, the analyses of soybean and flax grown in Chernobyl area provided in-depth characterization of seed development in radio-contaminated environment. Soybean and flax were altered by radio-contaminated environment in different way. However, these alterations resulted into modifications in seed oil content. Further analyses showed that soybean and flax possess alterations of carbon metabolism in cytoplasm and plastids along with increased activity of photosynthetic apparatus. Our present experiments are focused on further characterization of molecular bases that might be responsible for alterations of seed oil content in Chernobyl grown plants.

10 ZUSAMMENFASSUNG

Die Entwicklungsprozesse in Pflanzen sind detailliert beschrieben. Jedoch haben wir immer noch Lücken im Verständnis ihrer Regulation. Die vorliegende Arbeit vertieft Verständnis der Regulation der Samenbildung in Pflanzen durch quantitative Analyse von Proteinen während der Samenentwicklung nicht nur in dem Kontroll-, sondern auch im ökologisch belasteten Umfeld.

Die Ergebnisse der Analyse der Samenbildung von Glycine, Raps (*Brassica napus*), Rizin (*Ricinus communis*) und Acker-Schmalwand (*Arabidopsis thaliana*) im Kontroll-Umfeld lieferten eine umfassende Ansicht an die mit der Assimilation verbundenen Prozesse von Saccharose und de novo-Synthese von Aminosäuren und Fettsäuren. Die Ergebnisse der Analysen von Entwicklung der Sojabohnen und Leinsamen in dem radioaktiven Tschernobyl-Gebiet haben auf unterschiedliche Reaktionen der Samenbildung in Tschernobyl-Gebiet hingewiesen. Diese Änderungen mündeten in Ölgehalt in den reifen Samen aufgesammelten aus dem radioaktiven Tschernobyl-Gebiet. Der Ölgehalt in den reifen Leinsamen aus dem radioaktiven Tschernobyl-Gebiet hat sich erhöht. Weitere detaillierte Analyse von Proteinen während der Samenentwicklung im radioaktiven Tschernobyl-Gebiet wies auf Änderungen im Kohlenstoffmetabolismus im Zytoplasma und auch in den Plastiden und erhöhten Aktivität des Photosyntheseapparates hin.

Die aktuellen Experimente sind auf die Erforschung des geänderten Ölgehalts der gesamten genetischen Analyse und der Analyse von Genmutationen in bestimmten Genen gerichtet.