

PLAZA 5.0 – Nowa generacja platformy do genomiki porównawczej roślin

Julia Świątek 128188

Aleksandra Horbaczewska 121696

Maria Dzierzkowska121701

Czym jest PLAZA?

- PLAZA to zintegrowana platforma bioinformatyczna stworzona do analizy genomów roślinnych.
- Umożliwia porównywanie genomów, analizę rodzin genowych, badanie filogenezy oraz funkcjonalną interpretację genów.
- Jest szczególnie przydatna w badaniach ewolucyjnych, funkcjonalnych i porównawczych u roślin, niezależnie od tego, czy są to modele laboratoryjne, gatunki rolnicze, czy rośliny dziko rosnące.

Dobór gatunków

Gatunki wybrane do PLAZA 5.0 zostały przefiltrowane pod kątem jakości danych. Uwzględniono:

- Modele biologiczne (np. *Arabidopsis*, ryż).
- Gatunki o dużym znaczeniu gospodarczym (pszenica, kukurydza).
- Gatunki istotne filogenetycznie.
- Różnorodność taksonomiczna - 41 rzędów i 66 rodzin.
- 134 gatunki zostały podzielone na dwie instancje: PLAZA Monocots (53) i Dicots (100), z grupą referencyjnych gatunków obecnych w obu.

Zawartość danych

PLAZA obsługuje 4 typy genów: **geny kodujące białka, RNA, transpozony i pseudogeny** — ale tylko geny kodujące białkowe są używane w analizach porównawczych.

Dane funkcjonalne pochodzą z:

- Gene Ontology (GO) - dostarcza informacji o funkcji genów: funkcja molekularna, proces biologiczny i lokalizacja komórkowa
- InterPro - wykrywa domeny białkowe
- MapMan - mapowanie szlaków metabolicznych.



Data ▾

Analyze ▾

E2F,AT1G01090

Gene ▾

All species ▾



Dicots PLAZA 5.0 ▾

Workbench

logout

User Information

Login	128188@student.upwr.edu.pl
Authentication Type	PLAZA
Profile	Change profile settings
Password	Change password
API	Generate API key and view API history

Add New Experiment — 94 experiments remaining

Experiment name *

Experiment description



Create experiment

Wczytywanie i analiza danych:

Actions
 Import using gene identifiers
 Import using BLAST
 Import using BED file
 Share experiment
 Change experiment settings
 Back to experiments overview

Użytkownicy wprowadzają swoje dane do platformy, korzystając z różnych metod (np. pliki BED, identyfikatory genów, sekwencje DNA), które następnie są przetwarzane przez algorytmy PLAZA.

Dane są mapowane do genomów referencyjnych, a na ich podstawie tworzone są różnorodne analizy.

Species	
Name	Count
Arabidopsis thaliana	826

Genes	
Type	Count
Coding gene	826

Gene Families	
Type	Count
Homologous gene family	826 (100%)
Orthologous gene family	826 (100%)

Toolbox

Compare

- ... exon-intron gene structures.
- ... gene duplication types.
- ... with other PLAZA workbench experiments.

Analyze

- ... the enrichment of
 - GO funtional data
 - InterPro functional data
 - MapMan functional data
 - GeneFamily data

View

- ... associated gene families.
- ... the associated functional annotation.
 - GO terms
 - InterPro domains
 - MapMan terms
- ... the genome-wide organization.
- ... the orthologous genes
 - using the PLAZA integrative method.
 - using the PLAZA gene families.

Genes

Gene id	Gene type	Gene families		Aliases	Descriptions	Workbench comment	Delete
		Homologous gene family	Orthologous gene family				
AT1G01060	coding	HOM05D001251	ORTHO05D004135	AT1G01060.6,LHY,LHY1,LATE ELONGATED HYPOCOTYL 1,LATE ELONGATED HYPOCOTYL,Q6R0H1	Homeodomain-like superfamily protein		X
AT1G01120	coding	HOM05D000145	ORTHO05D000115	AT1G01120.1,KCS1,Q9MAM3	3-ketoacyl-CoA synthase 1		X

Geny są automatycznie klasyfikowane i przypisywane do odpowiednich ontologii, co umożliwia łatwiejsze zrozumienie ich roli w organizmach roślinnych.

<< previous 1 2 3 4 5 6 7 8 9 next >>

Analiza wzbogacenia:

Analyze

- ... the enrichment of
 - GO funtional data
 - InterPro functional data
 - MapMan functional data
 - GeneFamily data

Po przeprowadzeniu analiz na zestawach genów, PLAZA wykonuje analizę wzbogacenia, by sprawdzić, **które funkcje są nadreprezentowane w danym zestawie genów.**

W ten sposób można dowiedzieć się, które procesy biologiczne mogą być zaangażowane w badanym zjawisku (np. odpowiedź na stres).

Experiment overview

Name elo -
Last edit 2025-04-12 09:26:03
Gene count 826

[Back to experiments overview](#)

Enrichment Overview

Enrichment Data Type GO functional enrichment
Selected species [Arabidopsis thaliana](#) (826 genes)

Options

Significance settings

P-value cutoff 0.05
Multiple testing Bonferroni correction

Background settings

Background model Species

Data filter settings

Gene type No filter
Contains annotation Only annotated genes

Enrichment type settings

GO Source GO data from all sources
GO Evidences No filter

Compute enrichment

Enrichment result data

Chart

Table

Graph

BP Biological Process

MF Molecular Function

CC Cellular Component

Enriched GeneOntology (GO) terms

Depleted GeneOntology (GO) terms

Show

10

▼

entries

Search:

Identifier	↕ Type	↕ Log2-Enrichment Fold	↕ P-Value	↕ Subset Ratio	↕ Description	↕ Not Redundant	↕
GO:0051082	MF	2.81	1.0835E-10	2.89%	unfolded protein binding	✓	
GO:0019904	MF	2.85	1.2105E-6	1.89%	protein domain specific binding	✓	
GO:0051787	MF	3.55	8.4794E-4	0.88%	misfolded protein binding	✓	
GO:0043621	MF	2.04	1.0453E-3	2.01%	protein self-association	✓	
GO:0031072	MF	2.72	4.7834E-3	1.13%	heat shock protein binding	✓	
GO:0044183	MF	3.18	5.4504E-3	0.88%	protein folding chaperone	✓	
GO:0016168	MF	2.77	3.9559E-2	0.88%	chlorophyll binding	✓	
GO:0009628	BP	1.26	9.9450E-26	22.39%	response to abiotic stimulus	✓	
GO:0071456	BP	2.78	4.6682E-23	6.04%	cellular response to hypoxia	✓	
GO:0010035	BP	1.46	3.1383E-15	11.45%	response to inorganic substance	✓	

Column visibility

CSV

PDF

Print

Previous

1

2

3

4

5

6

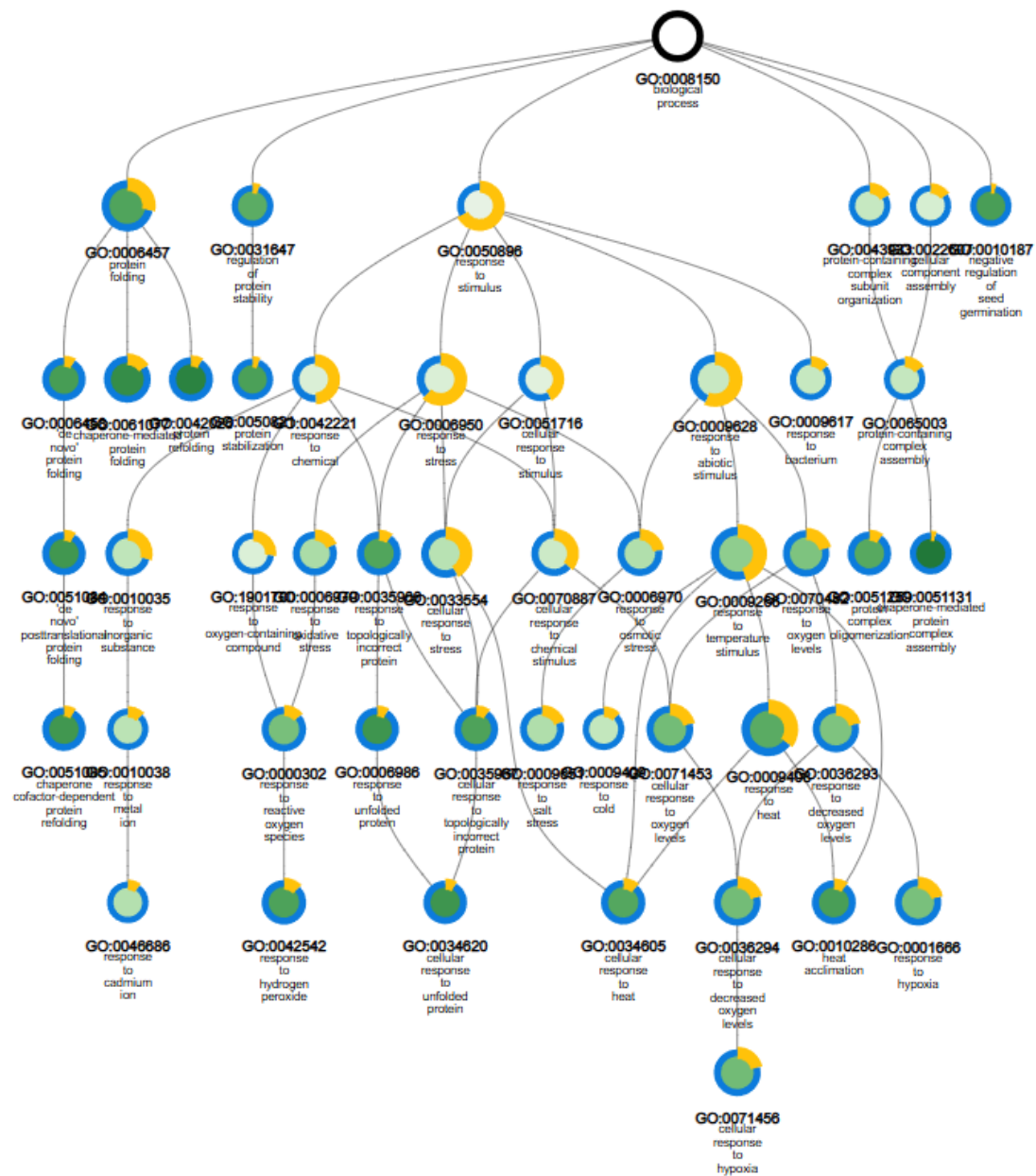
Next

Do not show redundant terms

▼

Interaktywna wizualizacja:

Wizualizacja danych w PLAZA jest jednym z kluczowych elementów, który umożliwia użytkownikowi szybkie zrozumienie wyników analiz. Użytkownicy mogą tworzyć interaktywne wykresy GO, co pozwala na łatwe interpretowanie złożonych wyników i skupienie się na najważniejszych wynikach wzbogacenia.



Data Options

Type

Biological Process

Hierarchy

All

Filter Options

Graph Options

Ontology IDs

Normal

Descriptions

Small

Node Color
Scaling

Adaptive Scale

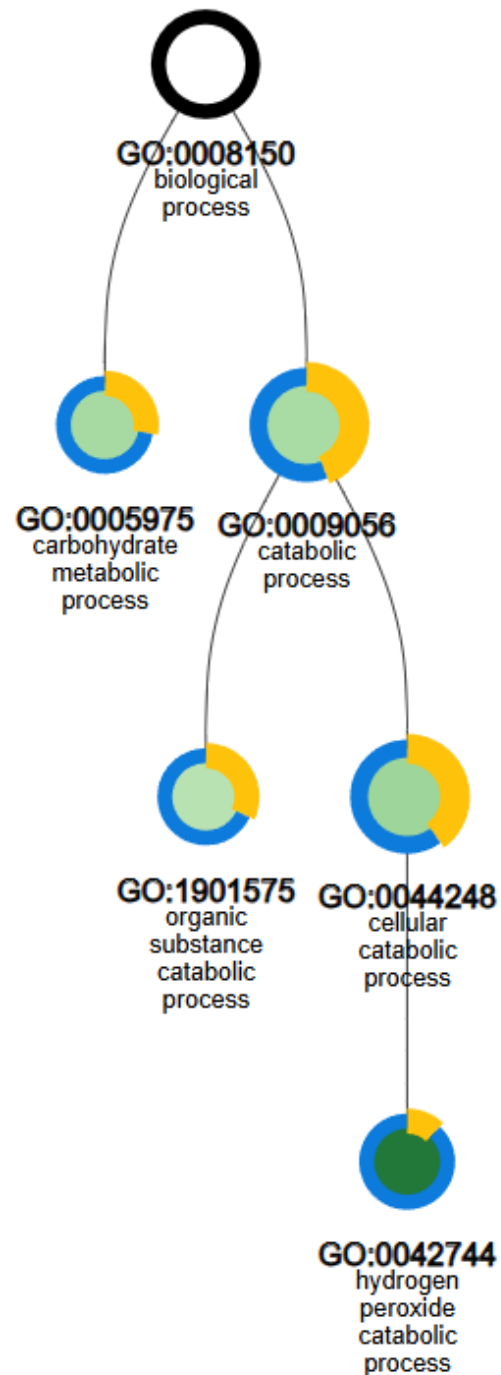
Horizontal
Scaling

1x

Vertical Scaling

2x

Legend



- Kolor kółka – mówi o stopniu wzbogacenia (Im ciemniejszy kolor, tym silniejsze wzbogacenie)
- Rozmiar kółka – pokazuje istotność statystyczną
- Obwódka (pierścień) wokół kółka – oznacza jaki procent genów w zbiorze ma tę adnotację
- Połączenia między kółkami (linie) – pokazują relacje hierarchiczne w Gene Ontology

- Van Bel, M., Silvestri, F., Weitz, E. M., Kreft, L., Botzki, A., Coppens, F., & Vandepoele, K. (2022). PLAZA 5.0: extending the scope and power of comparative and functional genomics in plants. *Nucleic Acids Research*, 50(D1), D1468-D1474.
- https://bioinformatics.psb.ugent.be/plaza/versions/plaza_v5_dictionaries/workbench/logon