www.sciencemag.org
Science
Medicínský Index o.p.s.
January 1, 2016; Vol. 351, No. 6268

KOCIRKULACE TŘÍ DRUHŮ VELBLOUDÍCH CORONAVIRŮ A REKOMBINACE MERS-COV V SAUDSKÉ ARÁBII

Zvýšený výskyt Blízkovýchodního respiračního syndromu (MERS) vyvolalo mnoho otázek týkajících se zejména evoluce původce tohoto onemocnění, MERS coronovirů, a jejich zvířecího rezervoáru. Z pozorování z let 2014 a 2015 vyšlo najevo, že tyto viry s vysokou mírou prevalence kocirkulují v horních dýchacích cestách dromedárů, s tím, že spolu s β coronavirem 1 sdílejí tato zvířata celkem tři hlavní druhy MERS-coronavirů. U velbloudů bylo poté identifikováno několik dalších linií coronavirů včetně jedné rekombinantní, která se u nich postupně stala dominantní linií a která evidentně vedla k dalšímu vypuknutí epidemie MERS mezi zdejšími obyvateli z kraje roku 2015. Velbloudi tudíž v současnosti představují hlavní rezervoár těchto virů a jsou i hlavním potenciálním zdrojem infekce MERS.

Co-circulation of three camel coronavirus species and recombination…
Science, Volume 351, Number 6268, 1 January 2016

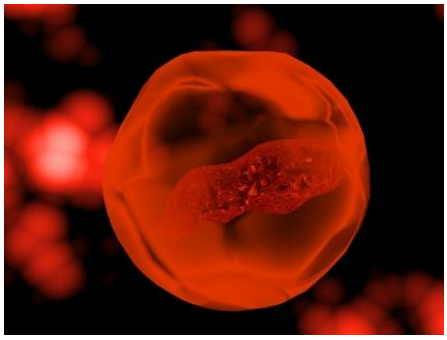

Image courtesy of sscreations / FreeDigitalPhotos.net

Image courtesy of bluebay / FreeDigitalPhotos.net

EVOLUČNÍ STRATEGIE K ZVRÁCENÍ REZISTENCE VŮČI ANTIBIOTIKŮM

Léčba antibiotiky (ATB) bývá sice velmi účinnou zbraní k zastavení rozšíření mikrobiální infekce, ovšem má za následek evoluci bakteriálních kmenů vykazujících rezistenci. Tento článek shrnuje několik možných přístupů, při nichž jsou antibiotika kombinována tak, aby při zachování účinnosti docházelo k selekci vůči rezistentním mutantům. Toho může být dosaženo díky detailnímu studiu interakcí mezi jednotlivými ATB, a jak jsou tyto interakce modulovány rezistentními kmeny. Přestože praktická aplikace těchto poznatků vyžaduje další zkoumání a validaci kombinací léčiv, přestavuje nové paradigma, jež může přerušit nebo alespoň zamezit dalšímu vývoji ATB rezistence.

Multidrug evolutionary strategies to reverse antibiotic resistance
Science, Volume 351, Number 6268, 1 January 2016

STRUKTURA TRANSMEMBRÁNOVÉHO KANÁLU SEC61 OTEVÍRANÉHO SIGNÁLNÍ SEKVENCÍ

Membránové proteiny tvoří přibližně jednu třetinu proteomu. Obsahují hydrofobní sekvenci, která řídí jejich translokaci do lipidové dvojvrstvy za účasti kanálu Sec61. Dosud nebylo známo, jakým způsobem tato sekvence na nascentním proteinu spouští otevření tohoto kanálu. Proto autoři studie využili kryoelektronové mikroskopie k popisu změn ve struktuře kanálu během jeho otevření. Bylo zjištěno, že přítomností signálu dojde k nahrazení 2. helixu v podjednotce Sec61α, což spustí rotaci, díky níž dojde k otevření centrálního póru, a to jak axiálně, tzn. podél membrány, tak laterálně, tedy vůči ní. Zdá se, že tímto způsobem se také zlepšuje přístup translokovaného proteinu do lipidové dvojvrstvy.

Structure of the Sec61 channel opened by a signal sequence
Science, Volume 351, Number 6268, 1 January 2016

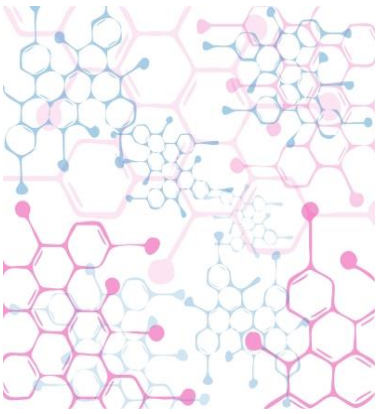

Image courtesy of samarttiw / FreeDigitalPhotos.net

Top Articles :

- As Ebola epidemic draws to a close, a thin scientific harvest
- Sperm RNA fragments modify offspring metabolism
- Funding for key data resources in jeopardy