

## Mutantní varianty asociované s kouřením tabáku u lidských nádorů

Kouření tabáku zvyšuje riziko výskytu nejméně 17 různých typů rakovin. Autorům práce se podařilo analyzovat somatické mutace a metylační profily u 5243 případů nádorů. Mimo jiné byl identifikován typický mutační „podpis“ vyskytující se vždy u nádorů těch tkání, které přicházely do přímého styku s tabákovým kouřem. Šlo o poškození DNA v důsledku chybné replikace, patrně způsobené stykem s kancerogenními molekulami. Jiné časté mutace byly zřejmě důsledkem nepřímé inaktivace některých enzymů, jejichž aktivita souvisí s editací DNA, případně s její reparací. Výsledky jsou plně v souladu s předchozími poznatky a závěry o korelaci zvýšené somatické mutagenese a kouření.

[Mutational signatures associated with tobacco smoking in human cancer](#)

*Science, Volume 353, Issue 6312, 4 November 2016*



Image courtesy of dream designs  
/ FreeDigitalPhotos.net



Image courtesy of samarttiv  
/ FreeDigitalPhotos.net

## Chemicko-biologická cesta k místně specifické autentické modifikaci proteinů

Pro mnoho biologických procesů je zásadním regulačním krokem posttranslační modifikace proteinů. Dosud bylo prakticky nemožné synteticky dosáhnout takové proteinové diverzity, což téměř znemožňovalo hlubší studium tohoto mechanismu. V této práci je představen tříkrokový systém, jehož prostřednictvím je možné dosáhnout autentické modifikace rekombinantních proteinů. Využívá fosfoserinového residua, který je v druhém kroku defosforylován na dehydroalanin, načež jsou k němu připojeny alkylové jodidy. K ověření funkčnosti tohoto systému byly vyprodukovány nejrůznější varianty ubiquitinu a histonu H3, včetně různých specifických modifikací na pozici H3K79.

[A chemical biology route to site-specific authentic protein modifications](#)

*Science, Volume 353, Issue 6312, 4 November 2016*

## Analýza interakcí v důsledku genové suprese v globálním měřítku

Ke genové supresi dochází v případě, kdy je snaha „zachránit“ fenotypový defekt způsobený přítomností určité mutace v jedné alele navozením té samé mutace i v druhém genu. K bližšímu pochopení principu tohoto děje vědci prozkoumali a porovnali poznatky z dostupné literatury s dosud získanými experimentálními daty pocházejícími nejčastěji z celogenomového sekvenování (WGS) u různých druhů kvasinek. Ukázalo se, že u většiny suprimovaných párů došlo k vytvoření nových vazeb mezi funkčně příbuznými geny. Navíc byly identifikovány jakési sekundární mutace, které nejspíše způsobily zpoždění nástupu stacionární růstové fáze kolonie. Jde patrně o strategii, která geneticky obohacuje populaci v momentě, kdy u ní dochází k poklesu přístupu k živinám.

[Exploring genetic suppression interactions on a global scale](#)

*Science, Volume 353, Issue 6312, 4 November 2016*



Image courtesy of ddpavumba  
/ FreeDigitalPhotos.net

### Top Articles :

- [A transcription factor hierarchy defines an environmental stress response network](#)
- [One brain, many genomes](#)
- [How tobacco smoke changes the \(epi\)genome](#)