

## Koncepcce a syntéza „minimálního“ bakteriálního genomu

Vědci navázali na studie zatím nejmenšího syntetického bakteriálního genomu *Mycoplasma mycoides* JCVI-syn1.0 (tj. úplně základní a nezbytná genetická výbava, kterou potřebuje buňka ke svému životu). Iniciální práce vycházely z propojení znalostí molekulární biologie a dat tranpozonové mutagenese, avšak na jejich základě živá buňka nevznikla. Další práce odhalily kvaziesenciální geny potřebné pro robustní růst, což vysvětlilo prvotní neúspěch. Nakonec vznikl genom JCVI-syn3.0 obsahující i tyto geny (o velikosti 531 kb, 473 genů), který je menší než nejmenší známý přirozeně se vyskytující genom u replikujících se buněk a který obsahuje téměř jen geny nutné pro syntézu všech potřebných makromolekul. Zároveň však obsahuje i 149 genů s dosud nedefinovanou biologickou funkcí. JCVI-syn3.0 je univerzální platforma pro zkoumání podstaty životních funkcí a pro celogenomický koncept.

[Design and synthesis of a minimal bacterial genome](#)

*Science, Volume 351, Issue 6280, 25 March 2016*



Image courtesy of renjith krishnan / FreeDigitalPhotos.net



Image courtesy of cooldesign / FreeDigitalPhotos.net

## Analýza variant lidských transkripčních faktorů odhalila převládající DNA vazebné změny

Exomová a genomová sekvenace odhalila mnoho abundantních genetických variant ovlivňujících funkci transkripčních faktorů (TF), avšak jejich opravdové důsledky byly doposud nepopsány. Vědci nyní využili metody univerzálních mikroarrayů, aby popsali vazebnou specifitu takto popsanych variant TF. Nalezli celkem 77 variant ve 28 genech, které ovlivňují afinitu a specifitu daného TF, a dále tisíce vzácných alel schopných dále měnit tyto parametry. Zdá se, že většina jedinců má zcela jedinečný repertoár DNA vazebných aktivit TF, které mohou ovlivnit jejich fenotyp.

[Survey of variation in human transcription factors reveals prevalent DNA binding changes](#)

*Science, Volume 351, Issue 6280, 25 March 2016*

## Aktivace protoonkogenů narušením tzv. chromozomálních sousedství

Onkogeny bývají aktivovány dobře popsányými chromozomálními přestavbami, jako jsou translokace, fúze genů a fokální amplifikace. Nedávné důkazy ukazují, že kontrola genů je závislá i na chromozomální struktuře nazývané jako insulated neighborhoods. Bylo zjišťováno, zda se i protoonkogeny nacházejí v rámci takovýchto struktur a zda narušení těchto struktur vede k aktivaci protoonkogenů. Zkoumaným materiálem byly T lymfocyty pacientů s akutní lymfoblastickou leukémií (T-ALL). Bylo prokázáno, že genomy tumorových buněk obsahovaly opakující se mikrolece, které eliminovaly hraniční místa jednotlivých insulated neighborhoods obsahujících hlavní T-ALL protoonkogeny. Narušení takových hraničních míst u nemaligních buněk bylo dostatečné k tomu, aby navodilo aktivaci protoonkogenů a spustilo maligní proces.

[Activation of proto-oncogenes by disruption of chromosome neighborhoods](#)

*Science, Volume 351, Issue 6280, 25 March 2016*



Image courtesy of dream designs / FreeDigitalPhotos.net

### Top Articles :

- [Two-dimensional nanofluidics](#)
- [Reproducibility in density functional theory calculations of solids](#)
- [Molecular architecture of the human U4/U6.U5 tri-snRNP](#)