

## Komplement a mikroglie zprostředkovávají časnou ztrátu synapsí u myšního modelu Alzheimerovy choroby

Ztráta neuronálních synapsí u Alzheimerovy choroby (AD) koreluje se snižováním kognitivních funkcí. Vliv mikroglie a komplementu byl již prokázán u AD v pozdějších fázích nemoci. Nyní se ukazuje, že tyto složky imunitního systému hrají roli v patologii této choroby již v její časně fázi. C1q, iniciační protein komplementové kaskády, vykázal signifikantně vyšší hladiny a byl asociován se synapsí ještě před depozicí plaků. Inhibice C1q a C3 nebo receptoru CR3 znamenala redukci počtu fagocytujících mikroglie a zároveň oddálila počátek ztráty synapsí. Přítomnost C1q navíc zvyšuje toxicitu  $\beta$ -amyloidových oligomerů na synapsích.

[Complement and microglia mediate early synapse loss in Alzheimer mouse models](#)  
*Science, Volume 352, Issue 6286, 6 May 2016*



Image courtesy of Karen Shaw  
/ FreeDigitalPhotos.net



Image courtesy of rajcreationz /  
FreeDigitalPhotos.net

## Negenetické funkce genomu

Primární funkcí genomu je uchování a exprese genetické informace, krom toho je však i hlavní strukturální komponentou buňky. Vedle genetické funkce také ovlivňuje funkce buňky i negenetickými způsoby, a to změnou svých fyzikálních a strukturních vlastností. Mezi tyto negenetické funkce ovlivňované genomem řadíme změny ve stavbě jádra, signální transdukcii, buněčnou migraci a překvapivě i vidění nočních zvířat. V tomto review jsou diskutovány koncepce, mechanismy těchto funkcí a jejich implikace pro život buňky i celého organismu.

[Nongenetic functions of the genome](#)  
*Science, Volume 352, Issue 6286, 6 May 2016*

## Dekódování kombinovaně modifikovaných nukleozomů na single-molecule úrovni

Různé kombinace histonových modifikací jsou signálem pro odlišné typy regulace genové exprese, avšak zmapovat důsledky jejich kombinací není pomocí dnes dostupných technologií možné. Autoři práce však aplikovali metodu zobrazování jednotlivých molekul (single-molecule imaging) a pokusili se její pomocí dekodovat kombinatorické modifikace nukleozomů na modelu pluripotentních kmenových buněk. Detekovali tak jednoznačně bivalentní nukleozomy obsahující současně represivní i aktivační značky. Také prokázali, že genetické a chemické perturbace chromatinových enzymů preferenčně ovlivňují nukleozomy nacházející se ve specifických stavech modifikace. Použitá technologie má značný potenciál pro zodpovězení základních otázek týkajících se biologie chromatinu a epigenetické regulace.

[Single-molecule decoding of combinatorially modified nucleosomes](#)  
*Science, Volume 352, Issue 6286, 6 May 2016*

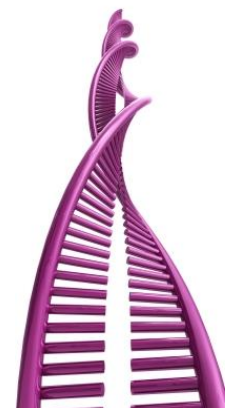


Image courtesy of dream designs  
/ FreeDigitalPhotos.net

### Top Articles :

- [Why humans are the high-energy apes](#)
- [Self-assembly creates 2D materials](#)
- [The "cancer immunogram"](#)