

## Kardiometabolické rizikové lokusy sdílejí stejné cis a trans regulační elementy napříč různými typy tkání

Díky již provedeným celogenomovým asociačním studiím se podařilo odhalit stovky rizikových lokusů pro různé poruchy kardiovaskulárního systému a metabolismu (CMD), avšak jen velmi málo je známo o na ně navazujících genových regulačních mechanismech. Proto autoři práce provedli RNA genotypizaci buněk vaskulárních a metabolických tkání pocházejících od 600 pacientů trpících kardiometabolickými chorobami. Detekovali tak více znaků asociovaných s CMD v porovnání s předešlými tkáňově nespecifickými expresními GWAS, což naznačuje, že jejich downstream regulační programy jsou ve všech tkání pro většinu těchto chorob společné. Naproti tomu regulační efekt ostatních již známých SNP je často tkáňově specifický.

[Cardiometabolic risk loci share downstream cis- and trans-gene regulation across tissues and diseases](#)

*Science, Volume 353, Issue 6301, 19 August 2016*

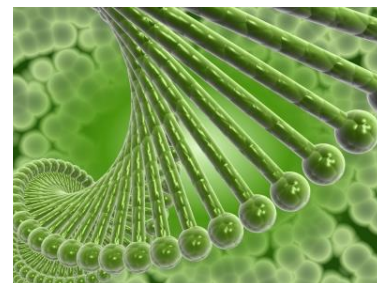


Image courtesy of jscreationzs / FreeDigitalPhotos.net

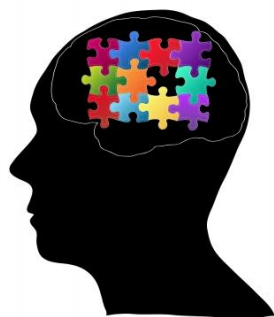


Image courtesy of Ohmega1982 / FreeDigitalPhotos.net

## K vývoji mikroglíí dochází krok za krokem, díky čemuž je regulována homeostáze mozku

Mikroglie jsou rezidentní myeloidní buňky v CNS a hrají zásadní roli v dlouhodobé ochraně mozku a patologiích nervové soustavy. Vědci využili kombinace různých molekulárních metod jako genomického a expresního profilování a transkriptomické analýzy na úrovni jedné buňky, aby odhalili mechanismy jejich vývoje. Ukázali tak, že jejich vývoj probíhá ve třech oddělených fázích, z nichž každé náleží vlastní regulační okruh. Knockout genu kódujícího vývojový regulační faktor dospělých mikroglíí MAFB vedl k narušení vývojových drah mozku i imunitní odpovědi. Tato práce může pomoci odhalit mechanismus některých méně prozkoumaných vývojových poruch mozku a CNS.

[Microglia development follows a stepwise program to regulate brain homeostasis](#)

*Science, Volume 353, Issue 6301, 19 August 2016*

## Design, syntéza a testování 57 kodonového genomu

Kanonický genetický kód je degenerovaný, což umožňuje, aby tatáž aminokyselina byla kódována více různými kodony, které označujeme jako synonymní. Tato studie představuje proces redesignu a syntézy genomu *E. coli* o 57 kodonech a 3970 kb, v němž bylo 7 kodonů vyměněno za alternativní synonymní sekvence, které však kódují tytéž proteinové produkty. Tento genom byl poté testován po 55 segmentech dlouhých 50 kb. Celkem 91 % takto nově vytvořených esenciálních genů si zachovalo svou funkci, ovšem jejich „vhodnost“ byla často omezená. U některých ze zbývajících genů byla výjimečně vykázána letalita a sekvence těchto genů vyžadovala korekci, což bylo nutno u 13 genů z celkových 2229.

[Design, synthesis, and testing toward a 57-codon genome](#)

*Science, Volume 353, Issue 6301, 19 August 2016*

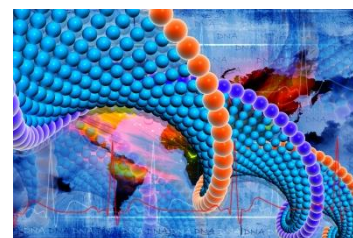


Image courtesy of renjith krishnan / FreeDigitalPhotos.net

### Top Articles :

- [Combining satellite imagery and machine learning to predict poverty](#)
- [Coordinative alignment of molecules in chiral metal-organic frameworks](#)
- [Integration of omic networks in a developmental atlas of maize](#)