

Objev proteinového buněčného receptoru pro norovirus

Noroviry jsou nejčastější příčinou gastroenteritid, a přesto jsou jeho faktory hostitele, které ovlivňují jeho vývoj velmi málo prostudovány. V této studii byla popsána hostitelská struktura, která je esenciální pro myši norovirem indukovanou buněčnou smrt. Tato struktura mimo jiné obsahuje proteinový receptor CD300lf, který je nezbytný jak pro vazbu noroviru na buněčný povrch, tak pro jeho primární replikaci. To potvrzuje i další zjištění, že CD300lf^{-/-} myši jsou zcela rezistentní vůči norovirové infekci a dále že exprese CD300lf v lidských buňkách narušila mezidruhovou bariéru pro přenos této virové rodiny. Je tedy patrné, že buněčný mechanismus nutný pro replikaci NoV je mezi myšmi a lidmi konzervativní.

[Discovery of a proteinaceous cellular receptor for a norovirus](#)

Science, Volume 353, Issue 6302, 26 August 2016

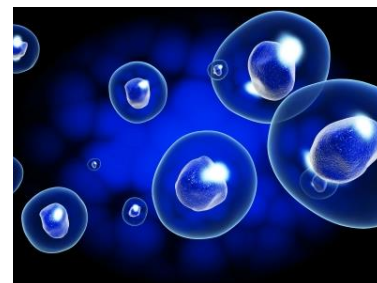


Image courtesy of jscreationzs / FreeDigitalPhotos.net



Image courtesy of cooldesign / FreeDigitalPhotos.net

Div-Seq: jednojaderná RNA sekvenace odhaluje dynamiku vzácných v dospělém věku se vyvíjejících neuronů

Sekvenace RNA na úrovni jedné buňky přináší velké množství cenných informací o typu buňky a jejím momentálním stavu. Nicméně je prakticky velmi složité podchytit vzácnější stavy jako neurogenезi, kdy důvodem je nemožnost izolace vyvíjejícího se neuronu od okolní dospělé tkáně. Proto je zde představena nová metoda Div-Seq kombinující jednojadernou RNA sekvenaci s pulsním označováním proliferujících buněk 5-ethynyl-2'-deoxyuridem (eDu). Tímto způsobem je možné detekovat jednotlivé buněčné typy v oblasti hipokampu a sledovat transkripční dynamiku nově se etablojících neuronů v prostředí hipokampálního neurogenního prostředí.

[Div-Seq: Single-nucleus RNA-Seq reveals dynamics of rare adult newborn neurons](#)

Science, Volume 353, Issue 6302, 26 August 2016

Struktura aktivovaného kvasinkového spliceozomu v rozlišení 3,5 Å

Sestřih pre-mRNA je prováděn spliceozomem, pro jehož činnost je vyžadováno předchozí složení a aktivace. Pro lepší pochopení mechanismu aktivace je v této práci představena detailní struktura aktivovaného spliceozomu kvasinky *Saccharomyces cerevisiae*. Model obsahuje ribonukleoproteinové podjednotky U2 a U5, malou jadernou podjednotku U6 (U6 snRNA) a také 71 bazí dlouhý řetězec pre-mRNA, což čítá dohromady komplex tvořený 13505 aminokyselinami. 5' vytváří kotvící smyčku z podjednotky U5 a větvičky sekvence, díky níž je specificky rozeznáváno místo štěpení. Tento model představuje klíčovou strukturu pro další studium RNA sestřihu.

[Structure of a yeast activated spliceosome at 3.5 Å resolution](#)

Science, Volume 353, Issue 6302, 26 August 2016

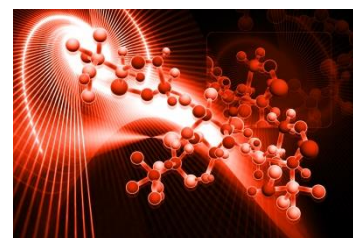


Image courtesy of jscreationzs / FreeDigitalPhotos.net

Top Articles :

- [Characterization of berkelium\(III\) dipicolinate and borate compounds in solution and the solid state](#)
- [A 15-step synthesis of \(+\)-ryanodol](#)
- [pVHL suppresses kinase activity of Akt in a proline-hydroxylation-dependent manner](#)