

## Globální bakteriální regulátor tvoří prion

Priony jsou sebepropagující se proteinové částice tvořící agregáty a chovající se u hub jako proteinové dědičné elementy. Přestože je můžeme najít u prakticky všech eukaryot, u bakterií nebyly dosud identifikovány. Nyní se ukazuje, že bakteriální terminátor transkripce, faktor Rhó je u *Clostridia botulinum* schopen tvořit prionové agregáty. Obsahuje totiž za tuto funkci zodpovědnou doménu, která může být nahrazena funkčně obdobnou doménu pocházející z kvasinkového proteinu. Dále se ukázalo, že tento faktor dokáže u *Escherichia coli* zaujímat alternativní konformace, která nemá transkripčně terminační funkci a není rozpustná, avšak je schopna agregace. Toto zjištění částečně maže pomyslnou evoluční bariéru mezi eukaryoty a prokaryoty.

[A bacterial global regulator forms a prion](#)

*Science*, Volume 355, Issue 6321, 13 January 2017

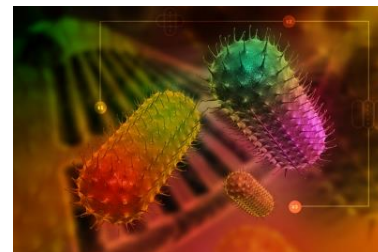


Image courtesy of cuteimage / FreeDigitalPhotos.net

## Skládání jádra podobné struktury během replikace virů u bakterií

Autoři studie pozorovali během virové infekce bakterií tvorbu elementu podobného jádru. S využitím fluorescenční mikroskopie a kryoelektronové tomografie bylo prokázáno, že u fága *Pseudomonas chlororaphis* dochází během jeho replikace k tvorbě kompartmentu, který odděluje virovou DNA od cytoplasmy. Tento kompartment byl současně umístěn do středu fága pomocí tubulinového vřeténka a segregoval virové i bakteriální proteiny dle jejich funkce. Zatímco proteiny účastníci se replikace DNA a transkripce ležely uvnitř kompartmentu, proteiny zapojené do translace a syntézy nukleotidů se nacházely vně. Později vytvořená virová kapsida spojená s cytoplasmatickou membránou se pohybovala směrem k tomuto kompartmentu a nakonec s ním splynula, aby mohla být zde umístěná DNA zabalena.

[Assembly of a nucleus-like structure during viral replication in bacteria](#)

*Science*, Volume 355, Issue 6321, 13 January 2017



Image courtesy of ddpavumba / FreeDigitalPhotos.net

## Princip designu proteinů obsahujících vazebné kavity tvořené zakřivenými $\beta$ -listy

Aktivní místa a ligandy vyvazující místa na proteinech jsou obvykle tvořeny kavitami složenými z  $\beta$ -listů a právě schopnost regulace jejich překládání by umožnila designovat vazebné proteiny s požadovanou specifitou. Proto se vědci úspěšně pokusili vyvinout algoritmus, kterým je možno zakřivení  $\beta$ -listů a jeho geometrii u přirozeně se vyskytujících proteinů ovlivňovat. Díky tomuto principu dále odvodili způsob, kterým je možno propojovat křiveně zakřivené  $\beta$ -listy s  $\alpha$ -helixovými doménami. Následná analýza metodami nukleární magnetické rezonance (NMR) a krystalografie potvrdila blízkou shodu návrhů a výsledných proteinových struktur s tím, že lze dosáhnout přesnosti designu na úrovni atomů.

[Principles for designing proteins with cavities formed by curved  \$\beta\$  sheets](#)

*Science*, Volume 355, Issue 6321, 13 January 2017



Image courtesy of samarttiw / FreeDigitalPhotos.net

### Top Articles :

- [Structure of a yeast step II catalytically activated spliceosome](#)
- [Plant-soil feedbacks and mycorrhizal type influence temperate forest population dynamics](#)
- [Causal neural network of metamemory for retrospection in primates](#)