

## Dělení kmenových buněk, somatické mutace, etiologie a prevence rakoviny

Nádorové bujení je způsobováno mutacemi, které mohou být dědičné, indukované faktory z prostředí nebo jsou následkem chyb v replikaci DNA (R). Autoři sledovali vztah mezi dělením normálních kmenových buněk a rizikem vzniku 17 druhů rakoviny v 69 zemích. Data ukázala, že je silná korelace mezi incidencí rakoviny a dělením kmenových buněk nezávisle na vlivu prostředí. To, že hlavní úlohu v etiologii rakoviny hrají právě R mutace, se potvrdilo při genomovém sekvenování a sledováním epidemiologických dat. R mutace tvoří až 2/3 mutací spojených s rakovinou. Sledování R mutací by tedy mohlo být markerem rakovinného bujení.

[Stem cell divisions, somatic mutations, cancer etiology, and cancer prevention](#)

*Science, Volume 355, Issue 6331, 24 March 2017*



Image courtesy of dream designs / FreeDigitalPhotos.net

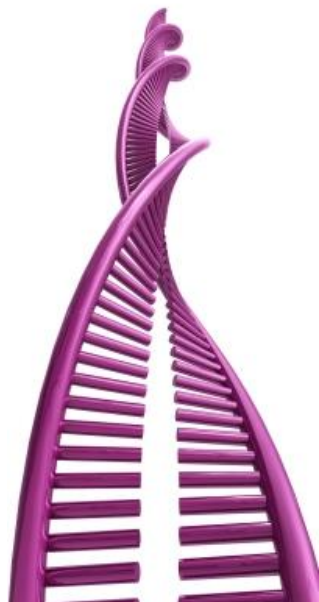


Image courtesy of dream designs / FreeDigitalPhotos.net

## Samostatné sestavení genetiky zakódovaných hybridních nano-DNA-proteinů

Široká škála DNA nanostruktur byla sestavena pomocí spojení dlouhého vlákna DNA s krátkými DNA úseky. Tyto struktury obvykle potřebují žíhání a vysokou teplotu, což není možné v živé buňce. Pro vytvoření takových struktur v živých buňkách, autoři vyvinuli postup, ve kterém vlastní úseky bílkovin na základě aktivity TAL (transcription activator-like) efektorového proteinu (DNA vázající protein) skládají dvoušroubovicové DNA předlohy. Struktury, složené do geometrických tvarů definovaných uživatelem, jsou od desítek až do stovek nanometrů. Tyto nanostruktury mohou být samostatně syntetizované při pokojové teplotě ve fyziologických pufrách. TAL (transkripční aktivátor podobně) efektorové proteiny jsou produkovány rostlinnými patogenními bakteriemi a dostávají se do hostitelské buňky, kde se vážou na konkrétní promotorové regiony a tak kontrolují expresi cílových genů. Každý úsek proteinu je navržen tak, aby rozpoznal a spojil mezi sebou dvě odlišné sekvence dvoušroubovicové DNA v určitém místě a vytvořil žádanou předlohu. Díky využití TAL je možné kontrolovat prostorové uspořádání bílkovinných domén, a to i v živých buňkách. TAL proteiny mohou být přizpůsobeny tak, aby specificky rozpoznávaly jakékoliv požadované cílové DNA sekvence, proto tyto proteiny by pak mohly být použity k vytvoření vlastní struktury a smyček v genomové DNA pro studium vztahu mezi architekturou genomu a genovou expresí.

[Self-assembly of genetically encoded DNA-protein hybrid nanoscale shapes](#)

*Science, Volume 355, Issue 6331, 24 March 2017*

### Top Articles :

- [Extremely efficient internal exciton dissociation through edge states in layered 2D perovskites](#)
- [Dengue diversity across spatial and temporal scales: Local structure and the effect of host population size](#)
- [A conserved NAD+ binding pocket that regulates protein-protein interactions during aging](#)