

## INTERAKCE HOUBOVÝCH PATOGENŮ S FAGOCYTY

Dohled a eliminace houbových patogenů do značné míry závisí na chování fagocytytujících buněk vrozeného imunitního systému, zejména makrofágů a neutrofilů. Účinnost, s kterou tyto buňky rozpoznávají, absorbují a usmrcují houbové patogeny, je závislá na velikosti, tvaru a složení houbových buněk a možnostech úniku hub imunitnímu systému. V tomto přehledu autoři popsali, jak houby, zvláště *Candida albicans*, interagují s fagocytytujícími buňkami a popisují faktory, které přispívají k tomu, že houby unikají imunitnímu systému a nejsou potom z organismu eliminovány.

[Interactions of fungal pathogens with phagocytes](#)

Nature Reviews Microbiology, Volume 14, Number 3, 1 March 2016

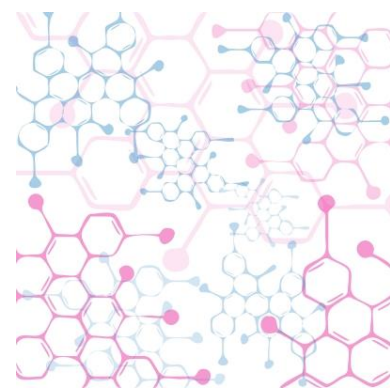


Image courtesy of samarttiw / FreeDigitalPhotos.net

## SYNTECKÁ BIOLOGIE, PŘÍSTUP A ROZŠÍŘENÍ CHEMICKÉ ROZMANITOSTI PŘÍRODY

Bakteriální genom kóduje geny s biosyntetickým potenciálem k produkci statisíců molekulárních komplexů s různým využitím od medicíny po zemědělství a materiály. Možnost syntetizovat tyto přírodní produkty slibuje oživení vývoje léků a poskytuje nové cesty pro syntézu složitých chemických látek. Dráhy vedoucí k produkci těchto molekul často obsahují desítky genů zahrnujících velké oblasti genomu a jsou ovládané složitou regulační sítí s některými z nejzajímavějších molekul produkovanými organismy, které nejsou běžně zkoumány. Autoři se zabývají pokroky v oblasti syntetické biologie – včetně nových DNA stavebních technologií, využití genetiky pro precizní kontrolu exprese a pro regulační syntetické okruhy, a multiplexním genovým inženýrstvím, tato metoda může být použita k optimalizaci návrhů a syntézy drah, které stojí za produkcí žádaných produktů.

[Synthetic biology to access and expand nature's chemical diversity](#)

Nature Reviews Microbiology, Volume 14, Number 3, 1 March 2016

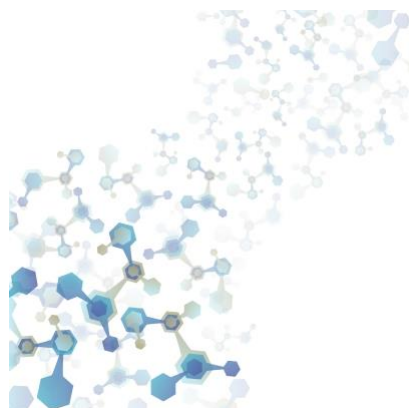


Image courtesy of samarttiw / FreeDigitalPhotos.net

## EVOLUCE BAKTERIÁLNÍCH PATOGENŮ V HOSTITELI

Celogenomové sekvenování otevřelo cestu pro zkoumání dynamické a genomové evoluce bakteriálních patogenů během kolonizace a infekce lidí. Použití této technologie ke studiu adaptace v hostiteli, tj. vznik lékové rezistence, přizpůsobení hostitele chronické infekci, přineslo poznatky o pozoruhodných vzorech týkajících se konvergentní evoluce. Autoři v tomto přehledu popsali, jak tato studie napomohla lepšímu porozumění mechanismům a zásadám evoluce genomu v rámci hostitele a předpokládají, že tyto poznatky mají přesah i do oblasti, jako je adaptivní potenciál pro patogenicitu bakterií. Nakonec se autoři věnují možnosti, že genomika může být v budoucnu použita k predikci klinické progresu bakteriálních infekcí a bude tak možné navrhnout lepší léčebné postupy.

[Within-host evolution of bacterial pathogens](#)

Nature Reviews Microbiology, Volume 14, Number 3, 1 March 2016



Image courtesy of renjith krishnan / FreeDigitalPhotos.net

### Top Articles:

- [FISHing in the oral microbiota](#)
- [Legionella's toolbox of effectors](#)
- [Add the microbiota to your birth plan](#)