

Cílení na buňky iniciující tvorbu metastáz prostřednictvím receptoru mastných kyselin CD36

Schopnost identifikovat buňky s metastatickým potenciálem je klinicky významná pro vývoj antimetastatické léčby. Vědci identifikovali vysoce metastatický potenciál v populaci buněk, které exprimují vysoké hladiny receptoru mastných kyselin CD36 ve vzorcích lidského karcinomu dutiny ústní. Tyto buňky zahajují tvorbu metastáz v myších modelech. Tvorba metastáz se zvyšuje kyselinou palmitovou nebo tučnou stravou a snižuje se blokadou CD36.

[Targeting metastasis-initiating cells through the fatty acid receptor CD36](#)

Nature, Volume 541, Number 7635, 05 January 2017



Image courtesy of jscreationzs / FreeDigitalPhotos.net



Image courtesy of samarttiw / FreeDigitalPhotos.net

Mutace XRCC1 je spojena s hyperaktivací PARP1 a mozečkovou ataxií

Tento článek ukazuje, že mutované formy lidského XRCC1, což je protein podílející se na opravách zlomů jednovláknové DNA, je asociován s oční motorickou apraxií, axonální neuropatií a progresivní cerebelární ataxií. V buňkách pacienta s mutací v XRCC1 jsou redukovány opravy zlomů DNA a je hyperaktivován protein PARP1, který funguje jako senzor zlomů DNA. Následkem je abnormálně vysoká hladina buněčné ADP-ribózy. Genetická delece Parp1 v Xrcc1 defektní myši zabraňuje nadměrnému hromadění ADP-ribózy a chrání před mozečkovou ztrátou neuronů a mozečkovou ataxií. Tato zjištění ukazují PARP1 jako možný terapeutický cíl.

[XRCC1 mutation is associated with PARP1 hyperactivation and cerebellar ataxia](#)

Nature, Volume 541, Number 7635, 05 January 2017

In situ struktura genomu a z genomu odvozených struktur v jednovláknovém viru RNA

Vědci v tomto článku poskytují první popis interakcí mezi genomem a kapsidou ve sférickém jednovláknovém RNA viru (ssRNA) s použitím bakteriofága MS2 jako modelu. Na rozdíl od virů dvouvláknové DNA, které vkládají genom do předem vytvořené kapsidy, ssRNA viry do sestavují kapsidu z vlastního genomu. Autoři určili strukturu bakteriofága MS2 s vysokým rozlišením a jsou schopni vysledovat okolo 80 % základního řetězce virového genomu. Identifikovali oblasti, které se podílejí na zrání proteinu a poskytují vhled do procesu sestavování kapsidy u ssRNA virů.

[In situ structures of the genome and genome-delivery apparatus in a single-stranded RNA virus](#)

Nature, Volume 541, Number 7635, 05 January 2017



Image courtesy of ddpavumba / FreeDigitalPhotos.net

Top Articles:

- [Synthetic recording and in situ readout of lineage information in single cells](#)
- [Structural basis of an essential interaction between influenza polymerase and Pol II CTD](#)
- [Epigenome-wide association study of body mass index, and the adverse outcomes of adiposity](#)