

Sekvenování peritoneální tekutiny odhalilo somatické mutace genu TP53

Detekce vzácných tumor-specifických mutací v bioptických vzorcích je limitována relativně vysokou chybovostí současných sekvenačních technologií. Autoři se rozhodli pomocí duplexního sekvenování, které snižuje chybovost čtení díky detekci mutací přítomných pouze na obou vláčkách DNA, prozkoumat přítomnost výjimečně vyskytujících rakovinných buněk přítomných v peritoneální tekutině žen s karcinomem ovarií vysokého „gradu“. Tento agresivní typ je často diagnostikován v pozdních stádiích a je charakterizovaný přítomností TP53 mutace. TP53 se vyskytuje v peritoneální tekutině nemocných i zdravých žen, tedy v netumorózní tkáni. Rozdíl je však v přítomné mutační zátěži, ta je vyšší u žen s rakovinou. Studie tak odhalila vzácné rakovinné buňky a přítomnost mutace TP53 i ve zdravé tkáni.

[Ultra-deep sequencing detects ovarian cancer cells in peritoneal fluid and reveals somatic TP53 mutations in noncancerous tissue](#)

PNAS, Volume 113, Number 21, 24 May 2016



Image courtesy of samarttiw / FreeDigitalPhotos.net

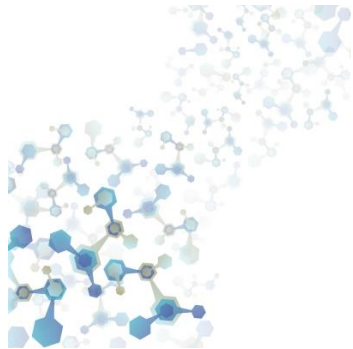


Image courtesy of samarttiw / FreeDigitalPhotos.net

Epigenetická regulace exprese antimikrobiálních peptidů

Antimikrobiální peptidy (AMP) jsou součástí vrozené imunity a hrají důležitou roli v střevní homeostáze a ochraně před patogeny. Práce zkoumá regulaci AMP genů s důrazem na epigenetickou složku regulačních mechanismů. Inhibice histonových deacetyláz trichostatinem vedla ke zvýšené produkci β -defensinu 2, ale i dalších AMP. Autoři tak poddhalili epigenetickou kontrolu AMP a nabízí farmakologické využití při ochraně střevní sliznice před mikroby, houbami, viry a prvoky.

[Histone deacetylase inhibition enhances antimicrobial peptide but not inflammatory cytokine expression upon bacterial challenge](#)

PNAS, Volume 113, Number 21, 24 May 2016

Zákonitosti předpovídající mikrobiální biodiverzitu

Studie zabývající se biodiverzitou vycházela ze souboru více než 5 a půl milionů dat makro- a mikrobiálního charakteru, a to v rámci globálního mapování na 35 tisících lokalitách. Podařilo se odhalit vztahy ovlivňující výskyt některých rostlinných a živočišných a druhů a s ním související výskyt mikroorganismů. Bylo zavedeno škálování, které zohledňuje bezprecedentní postavení oceánu. Spojení tohoto měřítka s lognormálním modelem biodiverzity odhalilo existenci zhruba trilionu (10¹²) mikroorganismů.

[Scaling laws predict global microbial diversity](#)

PNAS, Volume 113, Number 21, 24 May 2016



Image courtesy of samarttiw / FreeDigitalPhotos.net

Top Articles:

- [Blockage of neddylation modification stimulates tumor sphere formation in vitro and stem cell differentiation and wound healing in vivo](#)
- [Impaired NK-mediated regulation of T-cell activity in multiple sclerosis is reconstituted by IL-2 receptor modulation](#)
- [Ultra-deep sequencing detects ovarian cancer cells in peritoneal fluid and reveals somatic TP53 mutations in noncancerous tissues](#)