

ТЕМАТИЧЕСКАЯ ВЫСТАВКА

Актуальные вопросы сегодняшнего дня: COVID-19 and SARS-CoV-2 на страницах журналов

(Статьи представлены в электронном виде)

1. Y. Alhammad et al (13 authors) The SARS-CoV-2 Conserved Macrodomain is a Mono-ADP-Ribosylhydrolase (Сохранённый макродомен вируса SARS-CoV-2 представляет собой моно-АДФ-рибозилгидролазу); *Journal of Virology*, 2021, 13 January, V.95, No.3; <https://doi.org/10.1128/JVI.01969-20>
2. K. Baumann. Cellular basis for SARS-CoV-2 infection (Клеточная основа для инфицирования вирусом SARS-CoV-2); *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 2021, January, V.22, Issue 01; <https://doi.org/10.1038/s41580-020-00319-5>
3. A. Bayati et al. SARS-CoV-2 infects cells after viral entry via clathrin-mediated endocytosis (Вирус SARS-CoV-2 инфицирует клетки после вхождения вируса с помощью клатрин-опосредованного эндоцитоза); *Journal of Biological Chemistry*, 2021, 01 January, V.296, No. 100306; <https://doi.org/10.1016/j.jbc.2021.100306>
4. E. Callaway. Fast-spreading COVID variant can elude immune responses (Быстро распространяющийся вариант COVID-19 может избегать иммунного ответа); *Nature*, 2021, 21 January, V.589, Issue 7843, pp.500-501; <https://doi.org/10.1038/d41586-021-00121-z>
5. G. Capellano et al. Circulating Platelet-Derived Extracellular Vesicles Are a Hallmark of SARS-CoV-2 Infection (Циркулирующие внеклеточные везикулы, полученные из тромбоцитов, являются признаком инфекции вирусом SARS-CoV-2); *Cells*, 2021, 07 January, V.10, Issue 1; <https://doi.org/10.3390/cells10010085>
6. CoV-2 Genomes, May Play Roles in Viral-Host Co-Evolution in Putative Zoonotic Host Species (МикроРНК для определения патогенности вируса и ответов хозяина, идентифицированные в геномах вируса SARS-CoV-2, могут играть роль в совместной эволюции вируса и хозяина у предполагаемых S. Lange et al. Micro RNAs for Virus Pathogenicity and Host Response, Identified in SARS-зоонозных видов хозяев); *Viruses*, 2021, 16 January, V.13, Issue 117; <https://doi.org/10.3390/v13010117>
7. Z. Daniloski et al. (14 authors) Identification of required host factors for SARS-CoV-2 infection in human cells (Идентификация необходимых факторов хозяина для инфицирования вирусом SARS-CoV-2 в клетках человека); *Cell*, 2021, 07 January, V.184, Issue 1, pp.92-105; <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.030>
8. Ch. Gaebler et al. Evolution of antibody immunity to SARS-CoV-2 (Эволюция зависимого от антител иммунитета к вирусу SARS-CoV-2); *Nature*, 2021, 18 January, V.591, pp.639-644; <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03207-w>

9.Z.Fakhar et al. aBBV-744 as a potential inhibitor of SARS-CoV-2 main protease enzyme against COVID-19 (aBBV-744 как потенциальный ингибитор главного фермента протеазы вируса SARS-CoV-2 против COVID-19); *Scientific Reports*, 2021, 08 January, v.11, No.234; <https://doi.org/10.1038/s41598-020-79918-3>

10.Y.Finkel et al. (17 authors) The coding capacity of SARS-CoV-2 (Кодирующая способность вируса SARS-CoV-2); *Nature*, 2021, 07 January, V.589, Issue 7840, pp.125-130; <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2739-1>

11.Th.Flower et al. Structure of SARS-CoV-2 ORF8, a rapidly evolving immune evasion protein (Структура SARS-CoV-2 OFR8, быстро развивающегося белка уклонения от иммунной защиты); *PNAS*, 2021, 12 January, V.118, Issue 2; <https://doi.org/10.1073/pnas.2021785118>

12. P.Ellis et al. Decoding COVID-19 with the SARS-CoV-2 genome (Расшифровка COVID-19 с помощью генома вируса SARS-CoV-2); *Current Genetic Medicine Reports*, 2021, 09 January, V.9, pp.1-12; <https://doi.org/10.1007/s40142-020-00197-5>

13. Gobil et al. (12 authors) D614G mutation alters SARS-CoV-2 spike conformation and enhances protease cleavage at the S1/S2 junction (Мутация D614G изменяет конформацию вируса SARS-CoV-2 и усиливает расщепление протеазы на стыке S1/S2); *Cell Reports*, 2021, 12 January, V.34, Issue 2, No.108630; <https://doi.org/10/1016/j.cellrep.2020.108630>

14.S.K.Kaila et al. An overview of molecular biology and nanotechnology-based analytical methods for the detection of SARS-CoV-2: promising biotools for the rapid diagnosis of COVID-19 Обзор аналитических методов, основанных на молекулярной биологии и нанотехнологии, для обнаружения вируса SARS-CoV-2 : многообещающий биологический инструментарий для быстрой диагностики COVID-19); *Analyst*, 2021, 21 January, V.146, Issue 5, pp.1489-1513; <https://doi.org/10.1039/DOAN01528H>

15.B.Karki et al. (16 authors) Synergism of TNF- α and IFN- γ triggers inflammatory cell death, tissue damage and mortality in SARS-CoV-2 infection and cytokine shock syndrome (Синергизм TNF- α и IFN- γ запускает клеточную смерть, повреждение тканей и смерть при инфицировании вирусом SARS-CoV-2 и синдроме цитокинового шока); *Cell*, 2021, 07 January, V.184, No.1, pp.149-168; <https://doi.org/10/1016/j.cell.2020.11.025>

16.V.Makarenkov et al. Horizontal gene transfer and recombination analysis of SARS-CoV-2 genes helps discover its close relatives and shed light on its origin (Анализ горизонтального переноса и рекомбинации генов вируса SARS-CoV-2 помогает выявить его близких родственников и пролить свет на его происхождение); *BMC Ecological Evolution*, 2021, 21 January, V.21, Issue 1; <https://doi.org/10.1186/s12862-020-01732-2>

17. A.Rimanshee et al. Structural Insights into SARS-CoV-2 proteins (Структурные исследования белков вируса SARS-CoV-2); *Journal of Molecular Biology*, 2021, 22 January, V.433; <https://doi.org/j.jmb.2020.11.024>

18. A.El-Shehaw et al. Genomic Study of COVID-19 Coronavirus Excludes Its Origin From Recombination or Characterized Biological Sources and Suggests a Role for HERVIS in Its Wide Range Symptoms (Исследования генома коронавируса COVID-19 исключает возможность его происхождения из рекомбинации или охарактеризованных биологических источников и предполагает его значение для ретровирусов человека в широком спектре симптомов); *Cytology and Genetics*, 2021, 15 January, V.54, No.6; <https://doi.org/10.3103/S0095452720060031>

19. L.Zinzula. Lost in deletion: The enigmatic ORF8 protein of SARS-CoV-2 (Загадочный белок ORF8 вируса SARS-CoV-2); *Biochemistry and Biophysics Research Communications*, 2021, 22 January, V.538, pp.116-124; <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2020.10.045>