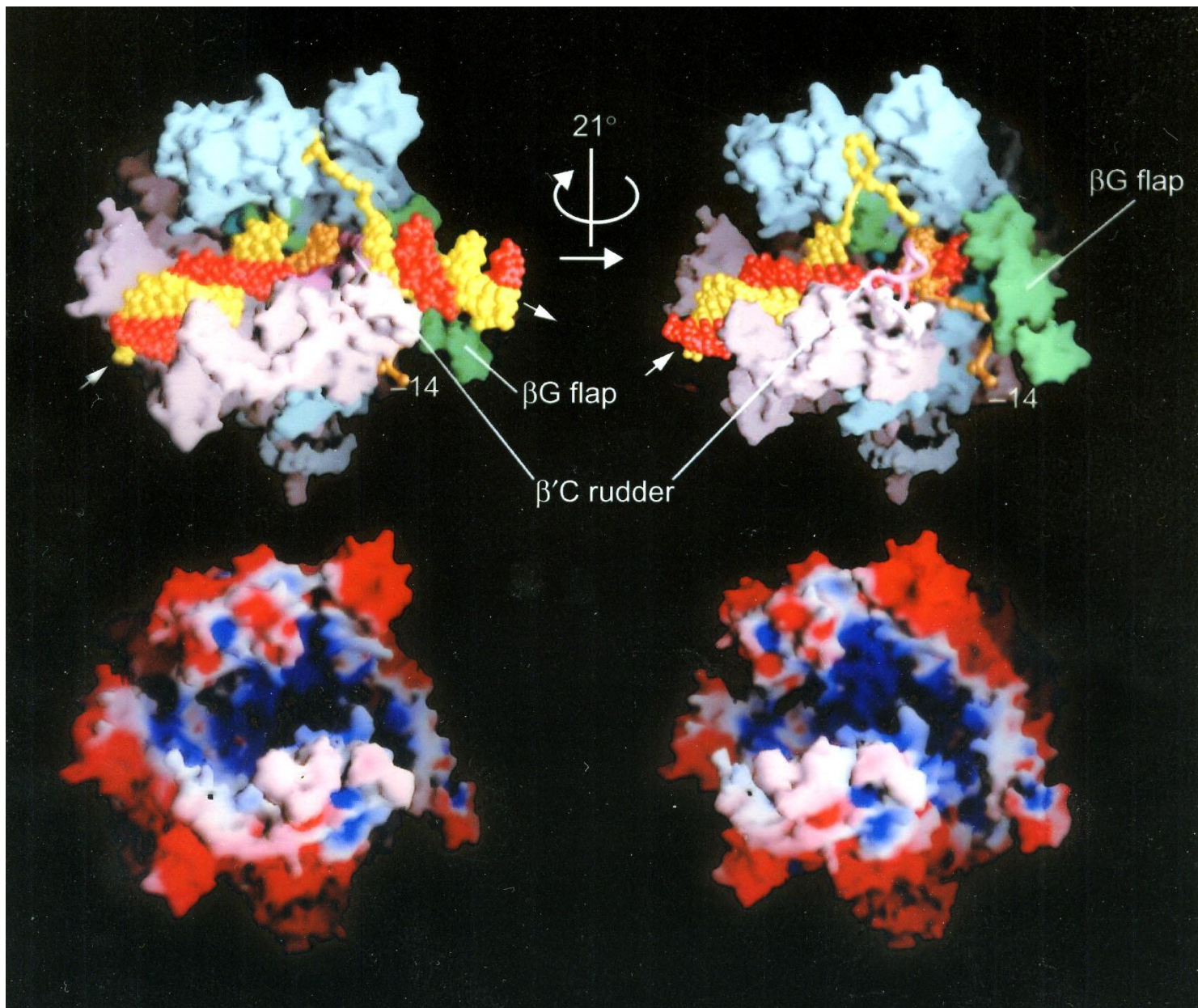
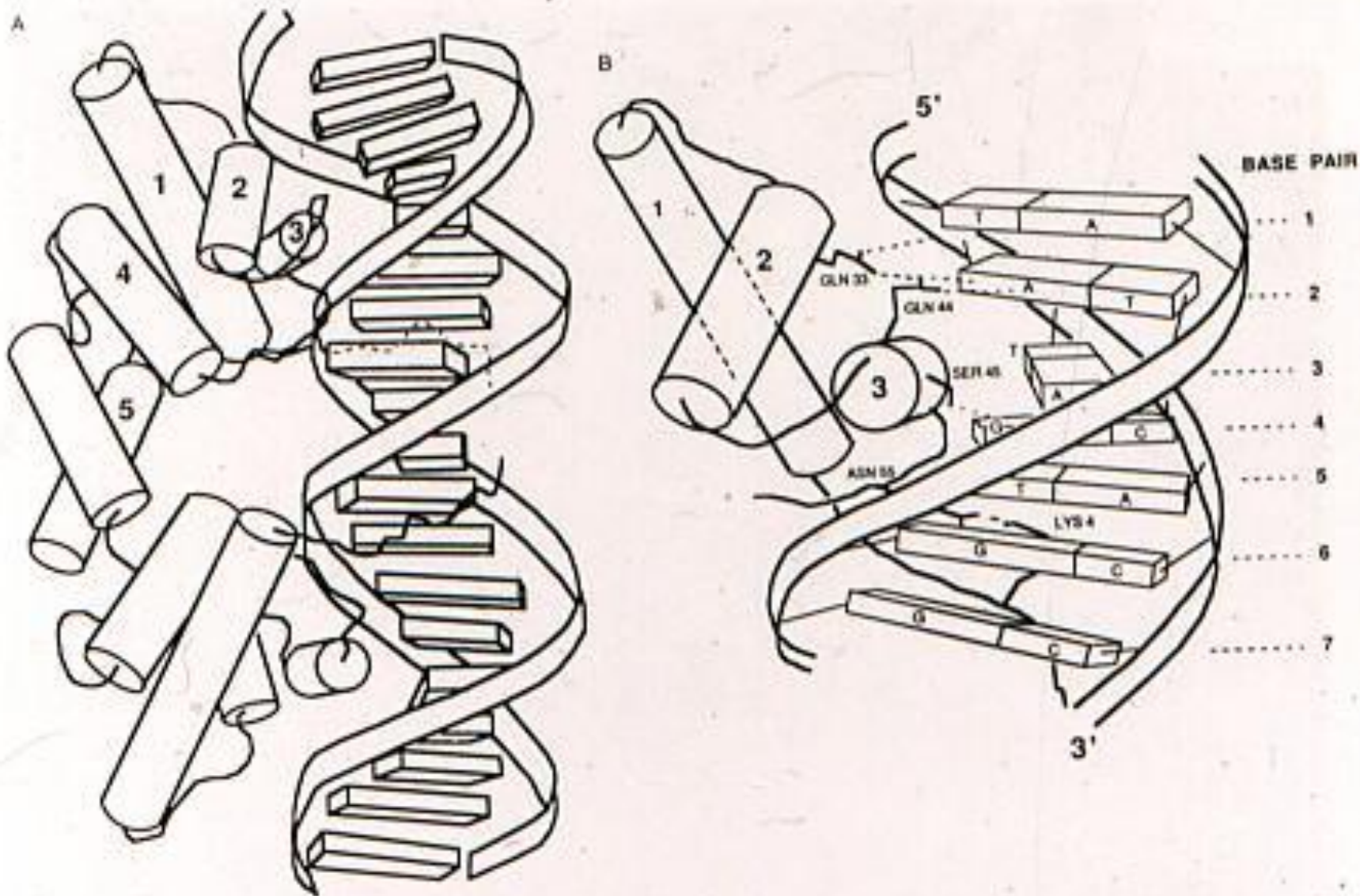


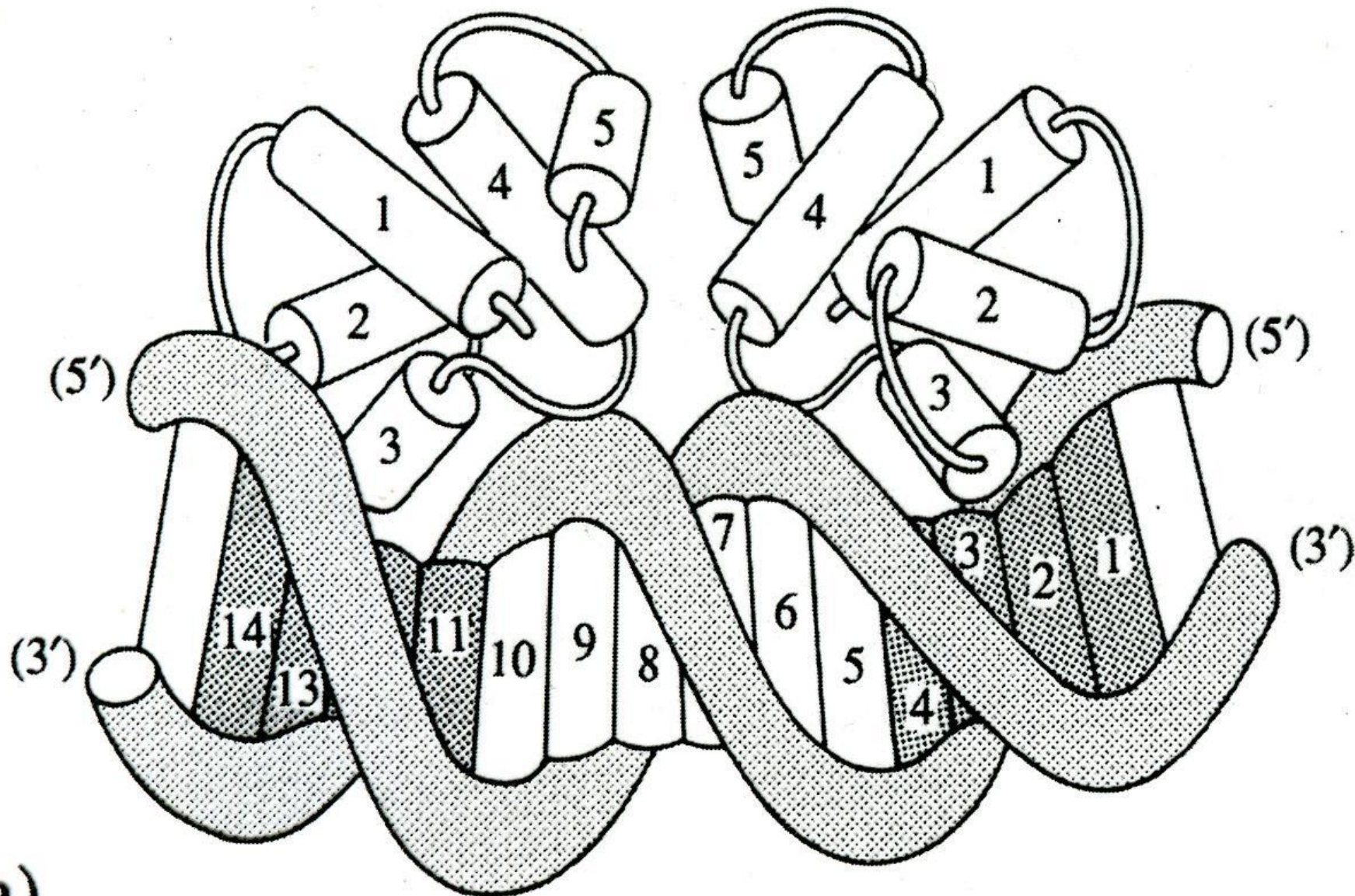
Пространственная структура кор-фермента РНК-полимеразы *Thermus aquaticus* (Zhang et al., 1999).



β вверху, β' внизу ; α и Ω - белый; **красным- кислые ак**, **синим-основные ак**



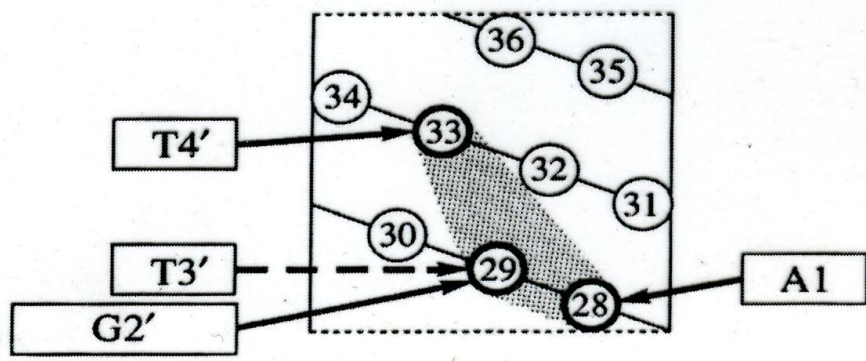
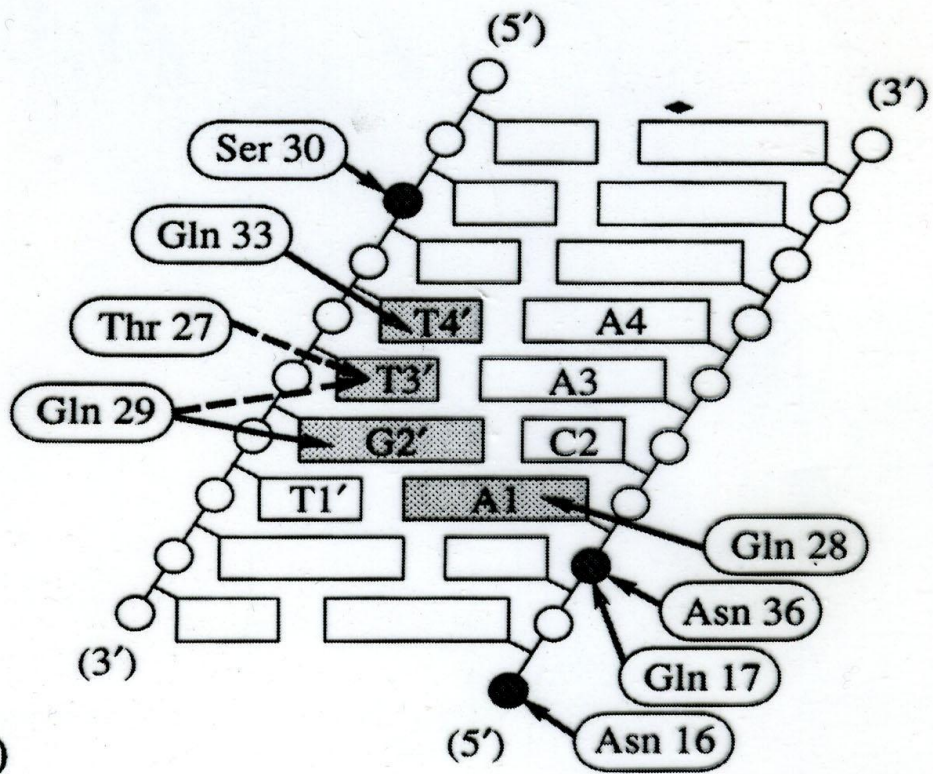
N-терминальный домен репрессора фага лямбда



a)

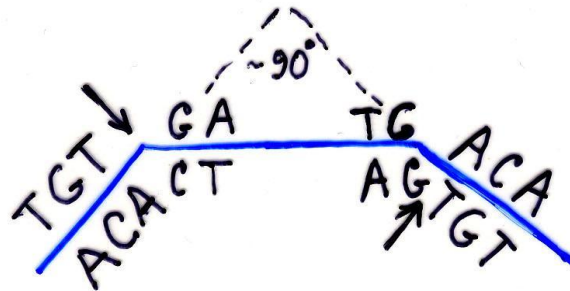
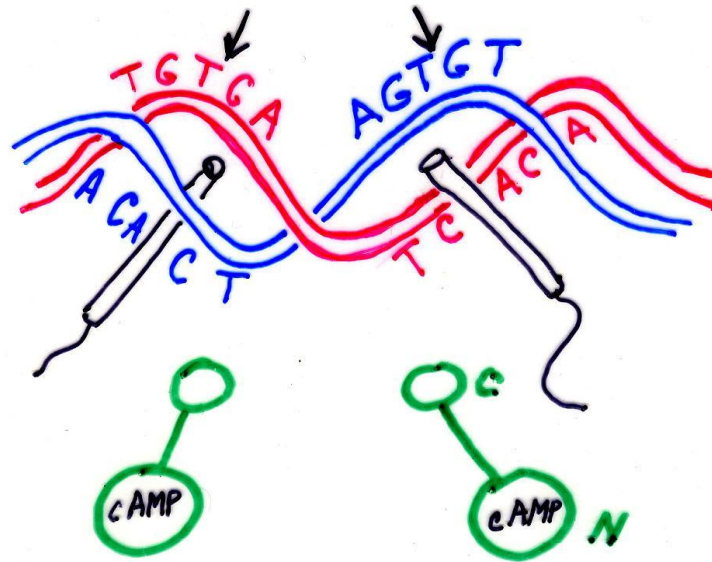
Репрессор фага 434, «узнаваемые» участки затемнены

Репрессор фара 434



CAP-белок

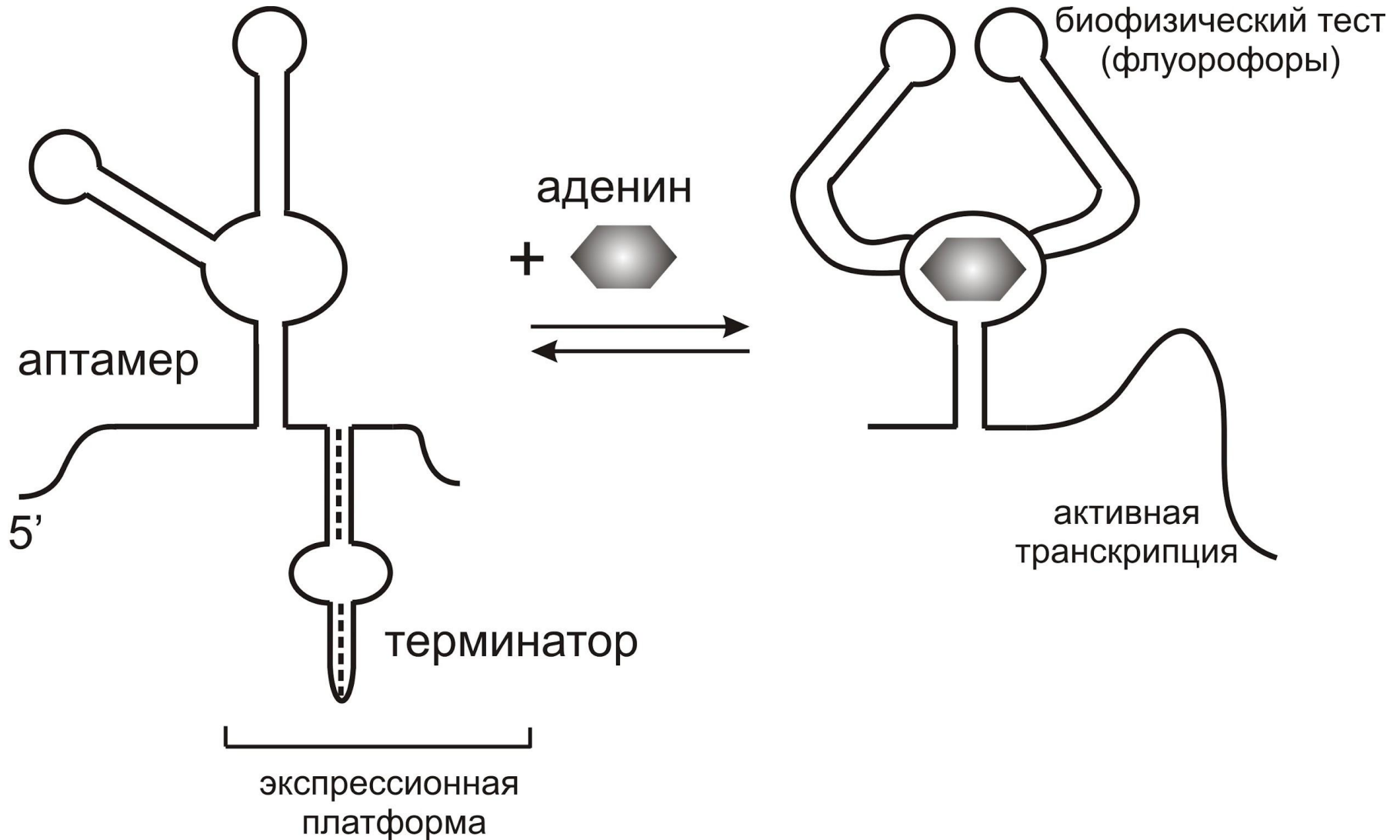
$\overrightarrow{\text{TGTGA}} \quad \text{xxxxxxx} \quad \text{TCACA}$
 $\text{ACACT} \quad \text{xxxxxxx} \quad \text{AGTGT}$
10 нп \leftarrow



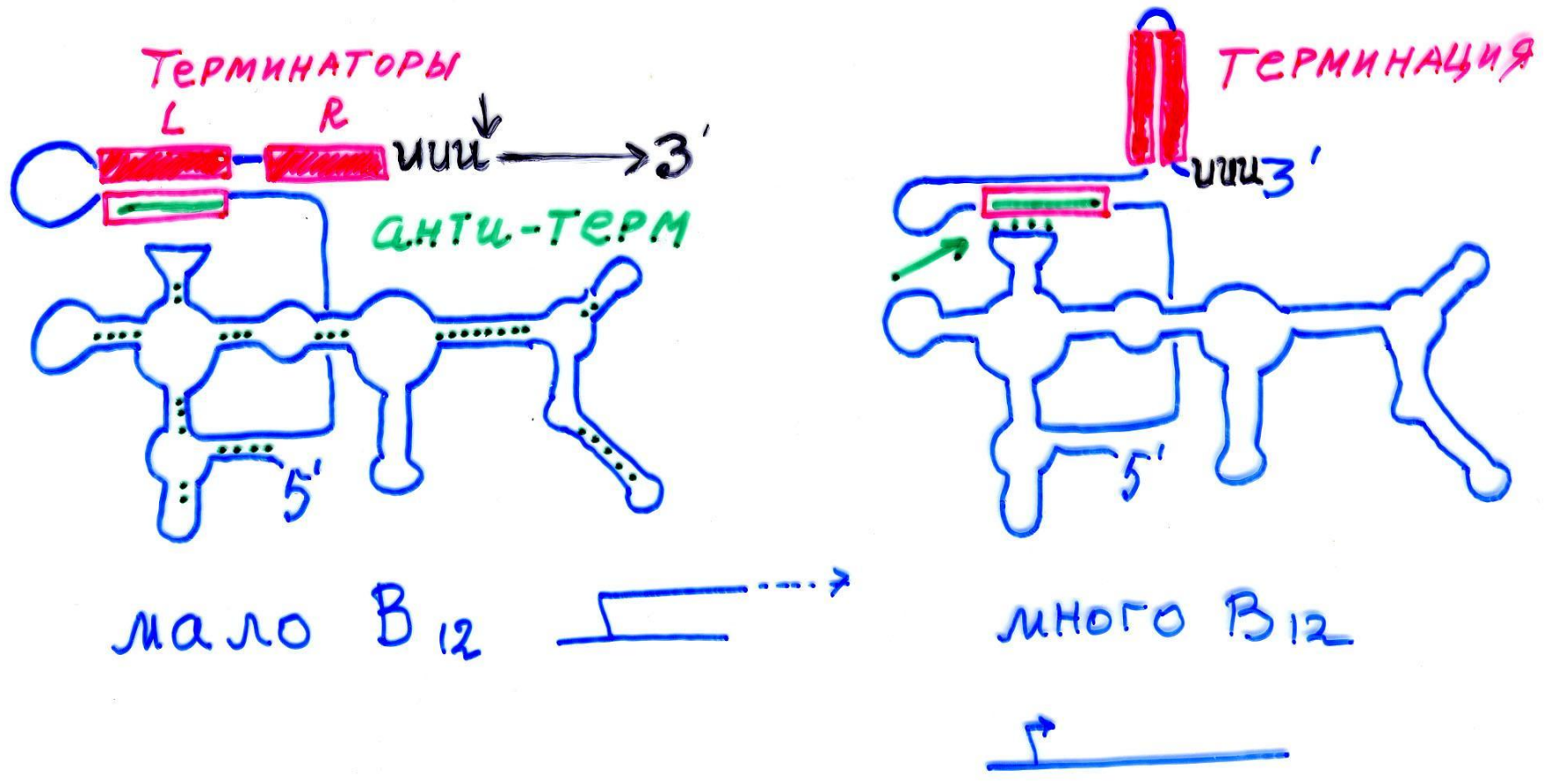


Vacillus subtilis

**аденин активирует транскрипцию гена, кодирующего белок- насос,
откачивающий избыток аденина**



Структура riboswitch (аптамер) сенсор коэнзима B₁₂, E.coli

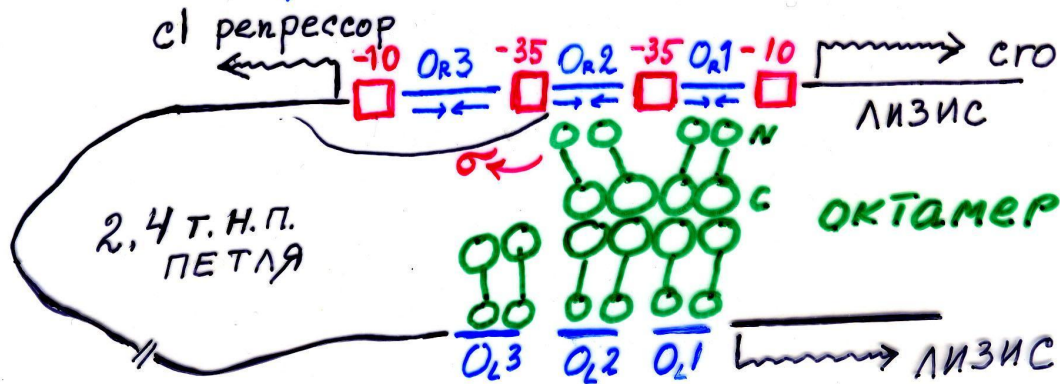


аптамер-сенсор - 315 нуклеотидов

Регуляция ТРАНСКРИПЦИИ, фаз λ



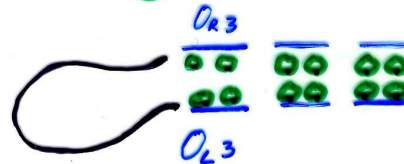
Оператор/ПРОМОТОР



Авторегуляция
позитивная



негативная



Кооперативность

димеризация

- связывание с оператором
- кооперация с РНК-полимеразой
- дальнодействующие взаимодействия

