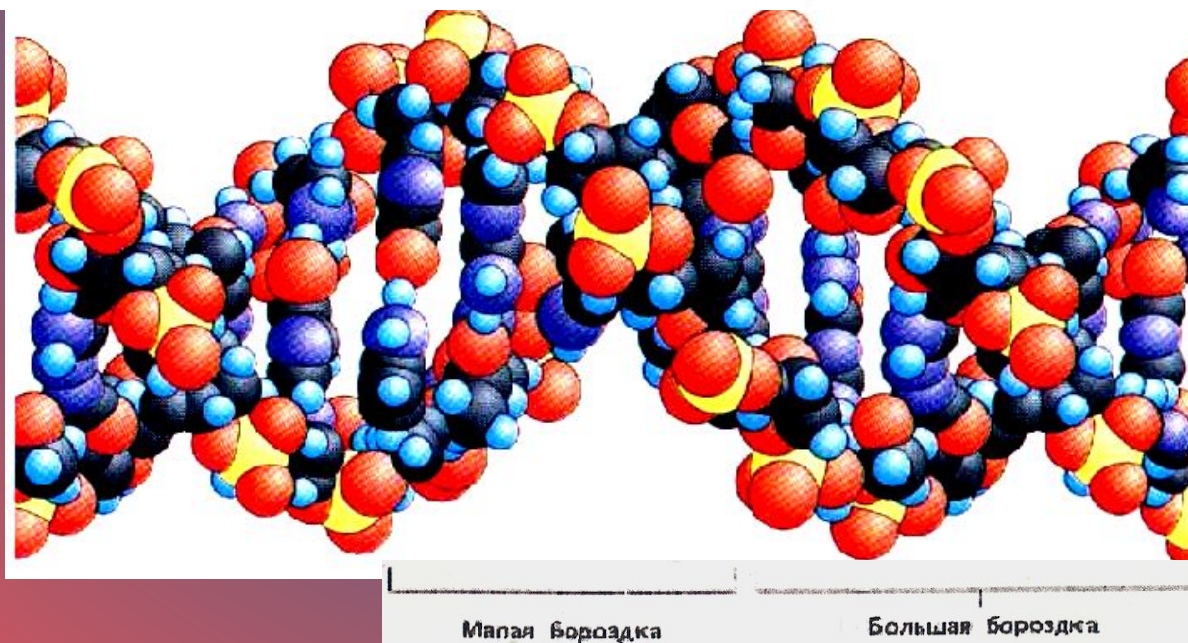
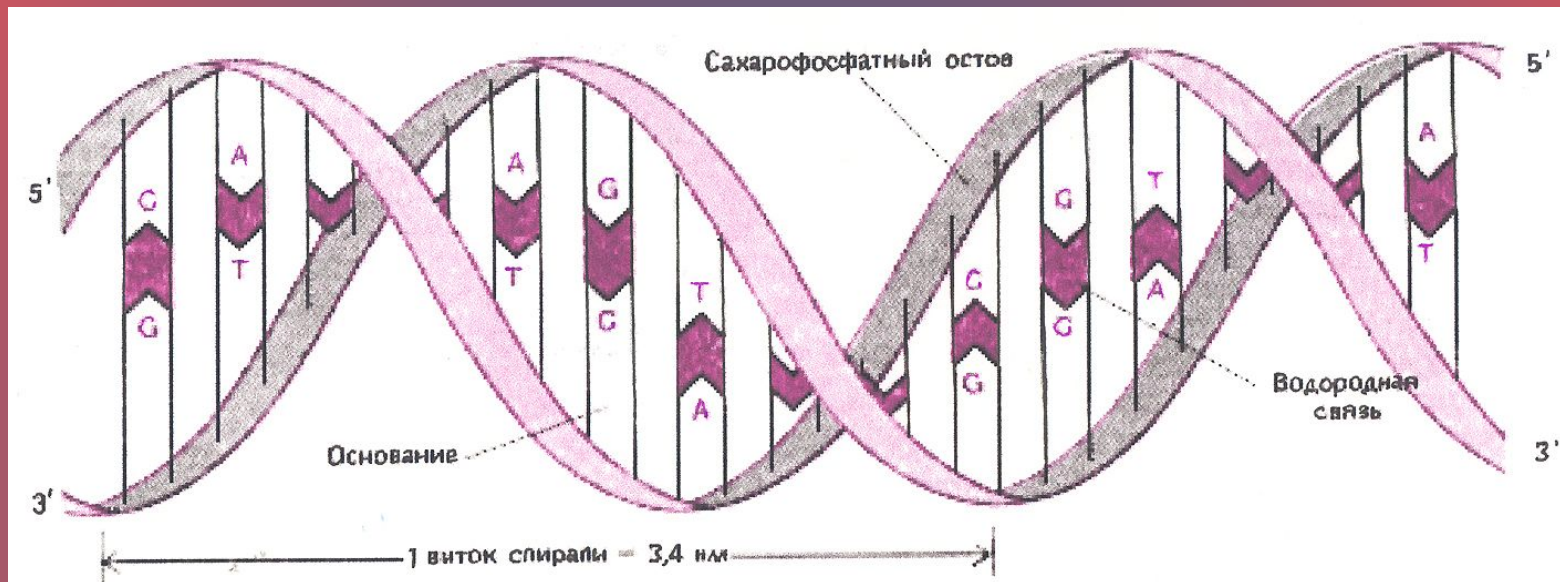


Экспрессия генов как
функционирование генома и её
регуляция.

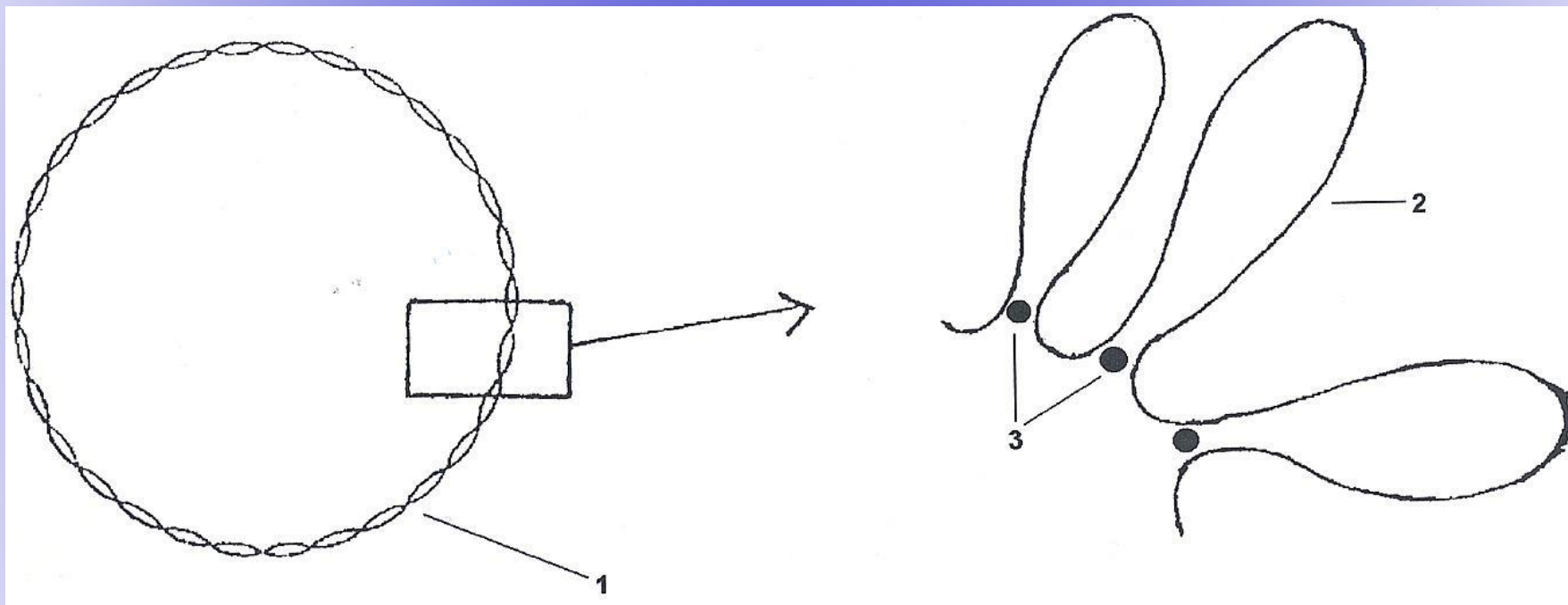
Молекулярная организация ДНК



Генетический код м-РНК

Вторая буква								
Первая буква	У	Ц	А	Г	Третья буква			
У	УЦУ УУЦ Фен УУА УУГ Лей	УЦУ УЦЦ Сер УЦА УЦГ	УАУ Тир УАЦ УАА Стоп УАГ	УГУ Цис УГЦ Стоп УГА Тир УГГ	У	Ц	А	Г
Ц	ЦУУ ЦУЦ ЦУА Лей ЦУГ	ЦЦУ ЦЦЦ ЦЦА Про ЦЦГ	ЦАУ Гис ЦАЦ ЦАА Гли ЦАГ	ЦГУ ЦГЦ Арг ЦГА ЦГГ	У	Ц	А	Г
А	АУУ АУЦ Иле АУА АУГ Мет	АЦУ АЦЦ АЦА Тре АЦГ	ААУ Асп ААЦ ААА Лиз ААГ	АГУ Сер АГЦ АГА Арг АГГ	У	Ц	А	Г
Г	ГУУ ГУЦ ГУА Вал ГУГ	ГЦУ ГЦЦ ГЦА Ала ГЦГ	ГАУ Асп ГАЦ ГАА Гли ГАГ	ГГУ ГГЦ Гли ГГА ГГГ	У	Ц	А	Г

Организация наследственного материала у прокариот



1 – Кольцевая молекула ДНК

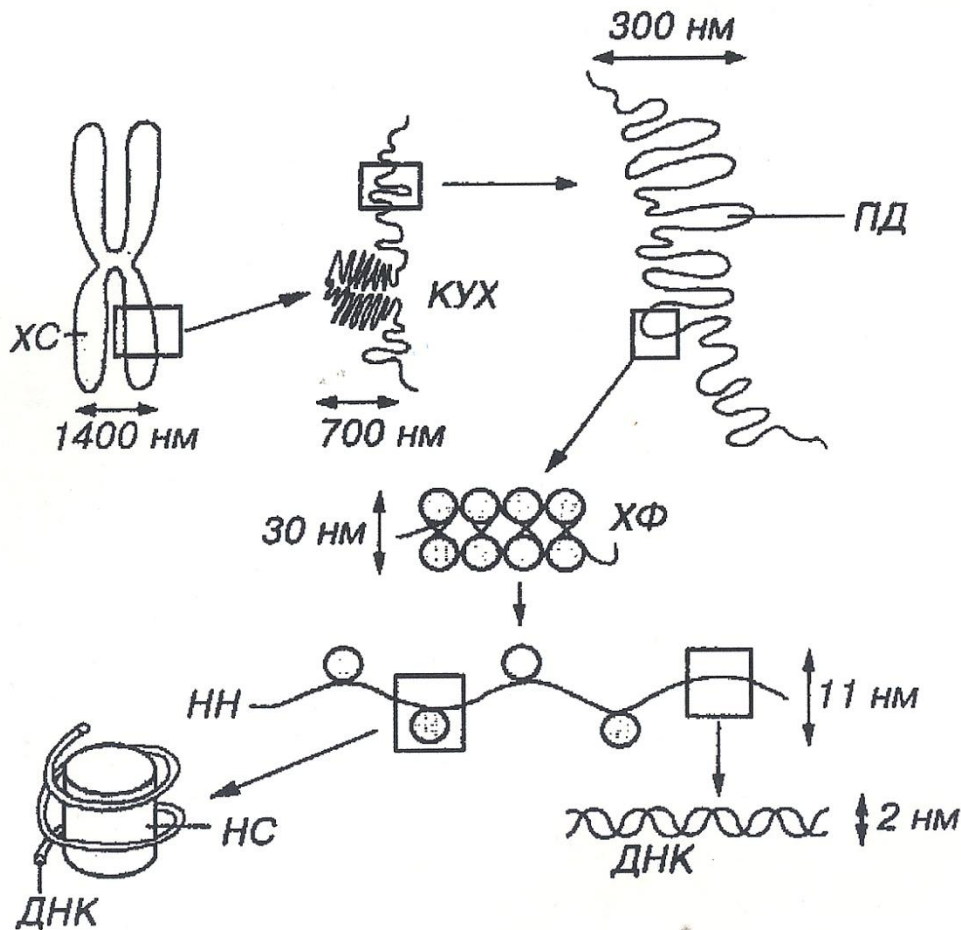
2 – Укладка ДНК в виде петель

3 – Белки, связывающие петли ДНК

Уровни компактизации хроматина

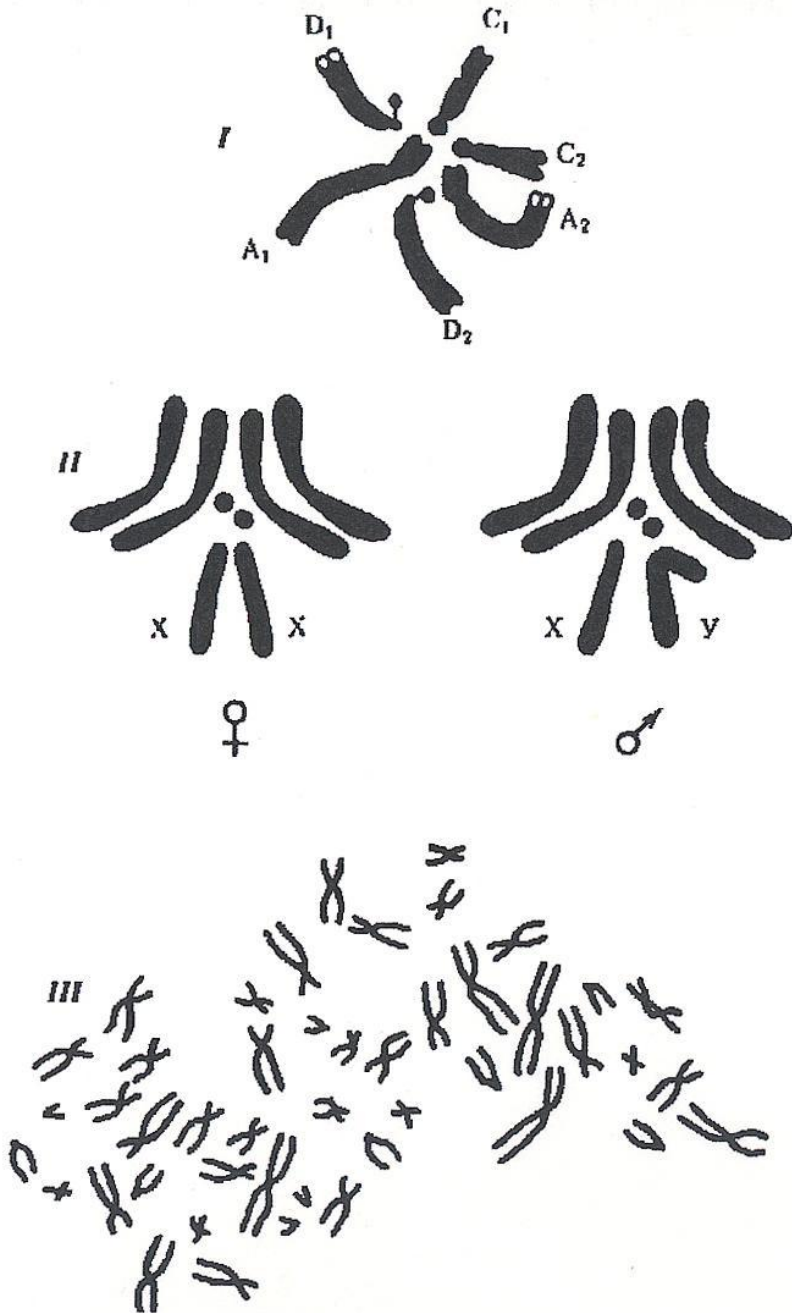
Фибрилла	Степень укорочения (раз)		Диаметр, нм
	По сравнению с предшествующей структурой	По сравнению с молекулой ДНК	
ДНК	1	1	1 – 2
Нуклеосомная нить	7	7	10
Элементарная хроматиновая фибрилла	6	42	20 – 30
Интерфазная хромонема	40	1600	100 – 200
Метафазная хроматида	5	8000	500 – 600

Уровни упаковки хроматина в ядре эукариотической клетки



ДВОЙНАЯ СПИРАЛЬ ДНК ОБРАЗУЕТ НИТЬ ДИАМЕТРОМ 2 нм, КОТОРАЯ НАМОТАНА НА БЛОКИ ДИСКОВИДНОЙ ФОРМЫ -НУКЛЕОСОМЫ (НС), ВХОДЯЩИЕ В СОСТАВ НУКЛЕОСОМНОЙ НИТИ (НН) ДИАМЕТРОМ 11 нм. СКРУЧЕННАЯ НН ОБРАЗУЕТ ХРОМАТИНОВУЮ ФИБРИЛЛУ (ХФ) ДИАМЕТРОМ 30 нм, КОТОРАЯ ФОРМИРУЕТ ПЕТЕЛЬНЫЕ ДОМЕНЫ (ПД) ДИАМЕТРОМ 300 нм. БОЛЕЕ ПЛОТНО УПАКОВАННЫЕ ПД ОБРАЗУЮТ КОНДЕНСИРОВАННЫЕ УЧАСТКИ ХРОМОСОМ (КУХ) ДИАМЕТРОМ 700 нм, ЯВЛЯЮЩИЕСЯ ЧАСТЬЮ МЕТАФАЗНОЙ ХРОМОСОМЫ (ХС) РАЗМЕРОМ ОКОЛО 1400 нм.

**Геномный уровень
организации
наследственного
материала у эукариот
(кариотипы организмов
различных видов)**

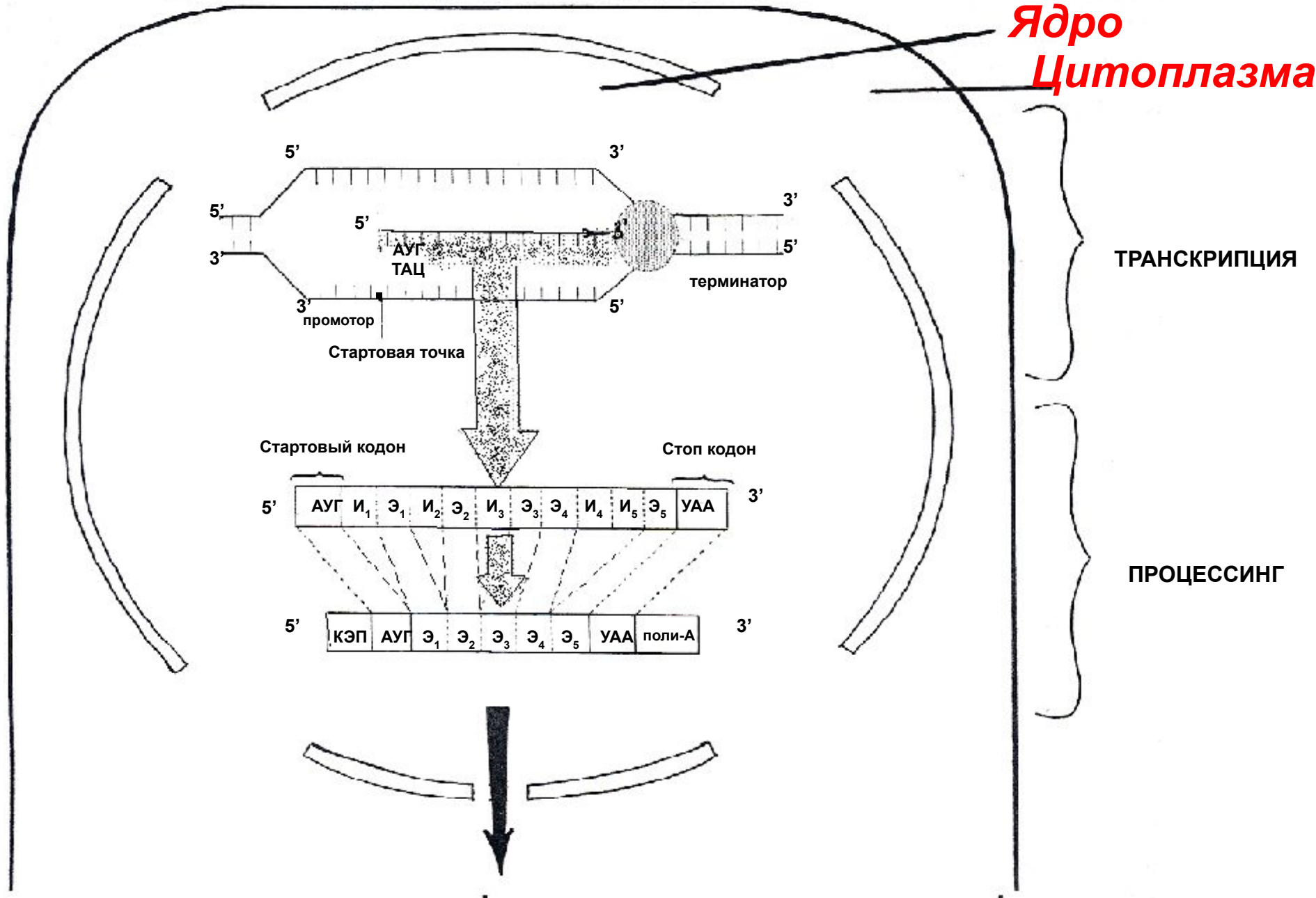


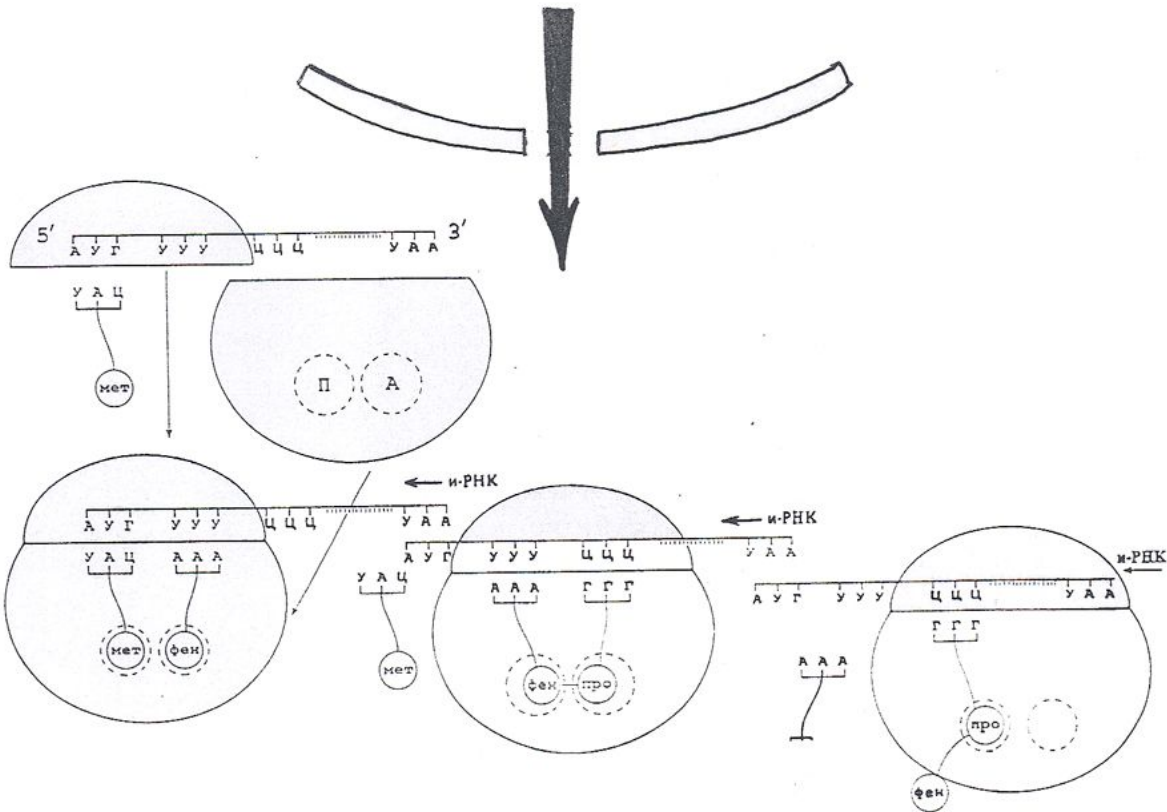
**I – скерды
II – дрозофилы
III – человека**

Сравнительная характеристика наследственного материала про- и эукариот

Признаки	Прокариоты	Эукариоты
Количество генов	4 тыс. (<i>e. Coli</i>)	около 40 тыс. (человек)
Количество ДНК	4 млн. пар нукл.	3 – 7 млрд. пар нукл.
Кодирующие последовательности ДНК	Более 90 %	Менее 10 %
Связь ДНК с гистонами	Отсутствует	Формирует нуклеосомы
Укладка ДНК	Кольцевая, содержащая 100 петель по 400 тыс. пар нукл.	Линейная с замкнутыми в теломеры концами, имеет 4 уровня спирализации
Количество репликонов	Один	50 тысяч
Активно работающие участки	Более 90 % генов	Менее 10 % генов
Процессинг	отсутствует	Осуществляется при переходе пре-м РНК из ядра в цитоплазму
Регуляция транскрипции	оперонная	Сложная каскадная

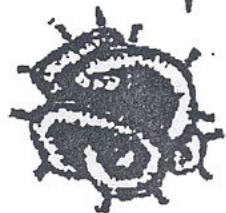
СХЕМА БИОСИНТЕЗА БЕЛКА У ЭУКАРИОТ





ТРАНСЛЯЦИЯ

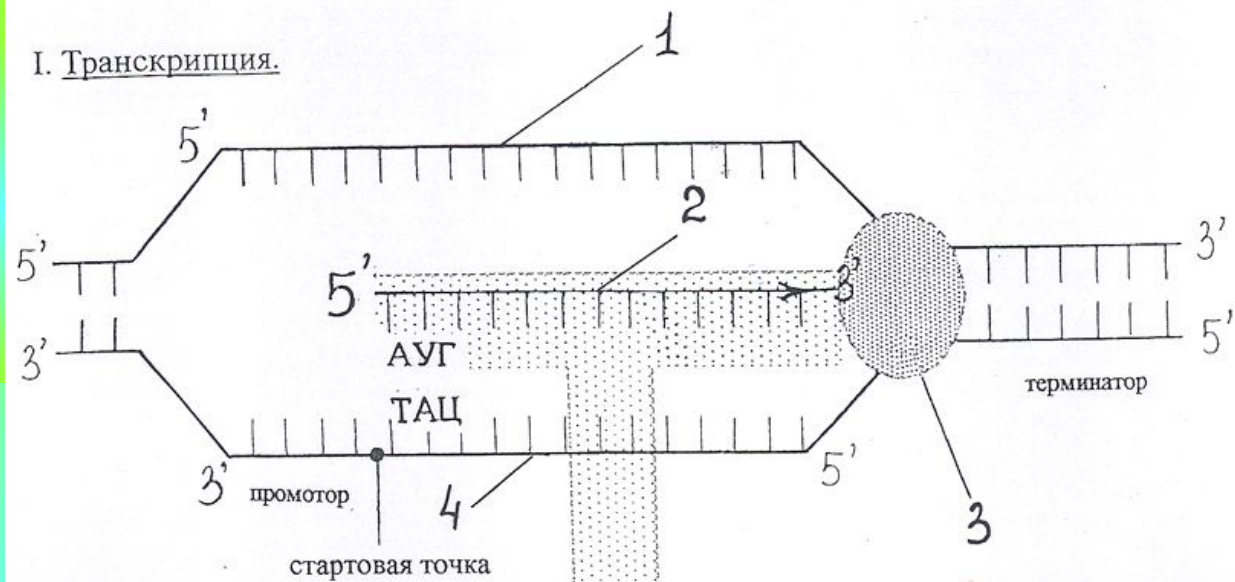
ИНИЦИАЦИЯ → ЭЛОНГАЦИЯ → ТЕРМИНАЦИЯ



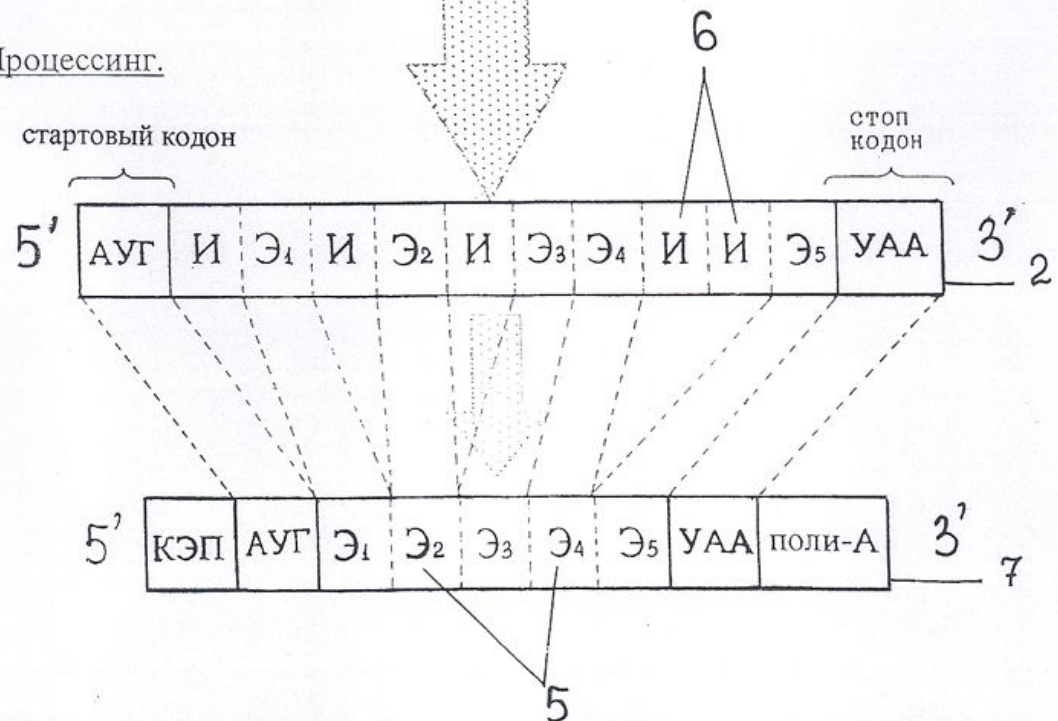
БЕЛОК

ПОСТТРАНСЛЯЦИЯ

Схема транскрипции и процессинга у эукариот



II. Процессинг.



- 1 - ДНК,
- 2 - пре-мРНК,
- 3 - РНК-полимераза,
- 4 - кодогенная цепь ДНК,
- 5 -экзоны,
- 6 - интроны,
- 7 - зрелая мРНК.

Регуляция активности генов у прокариот (схема Жакоба-Моно)

Регуляция синтеза белка путем индукции (рис. 1 и 2)

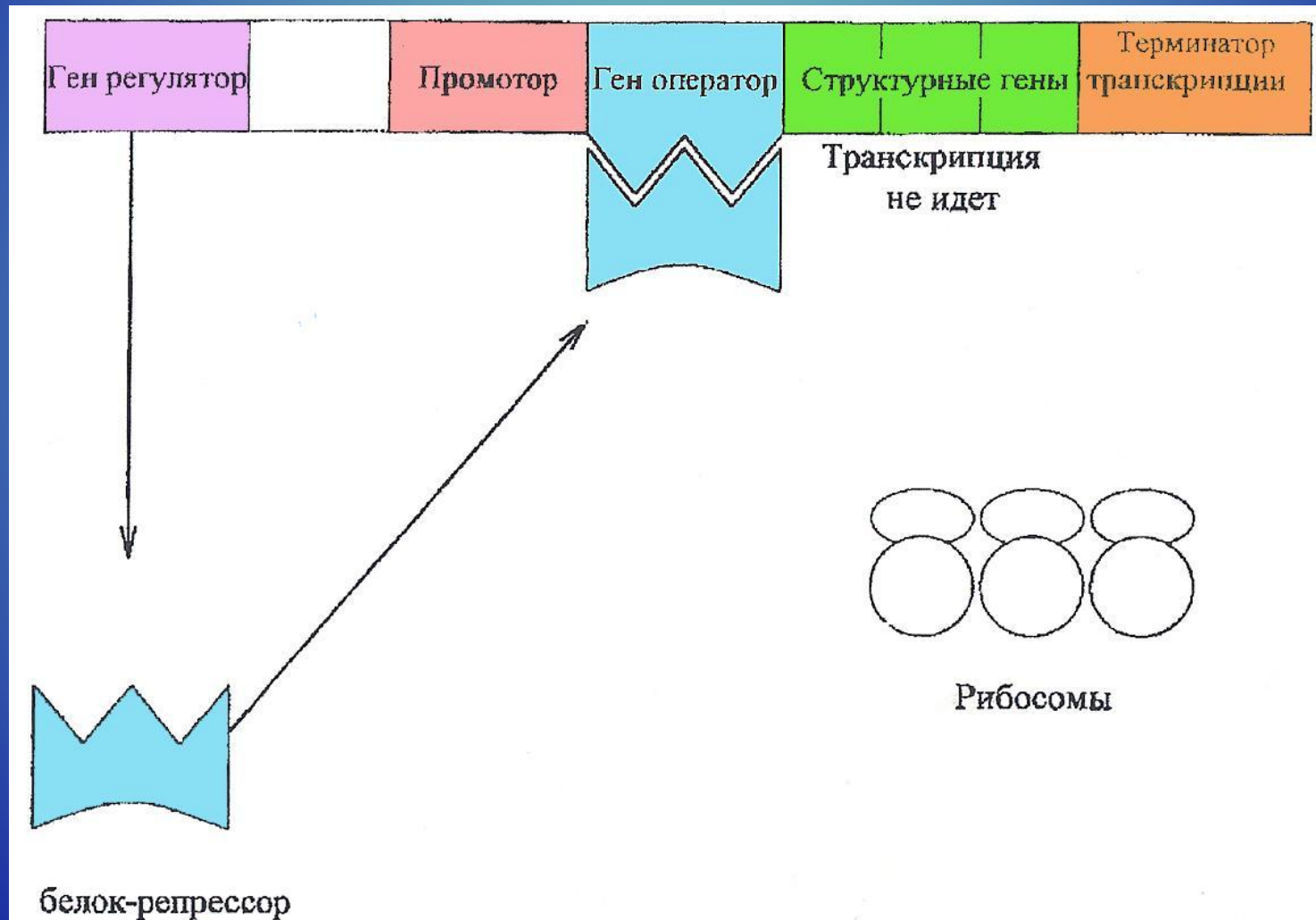
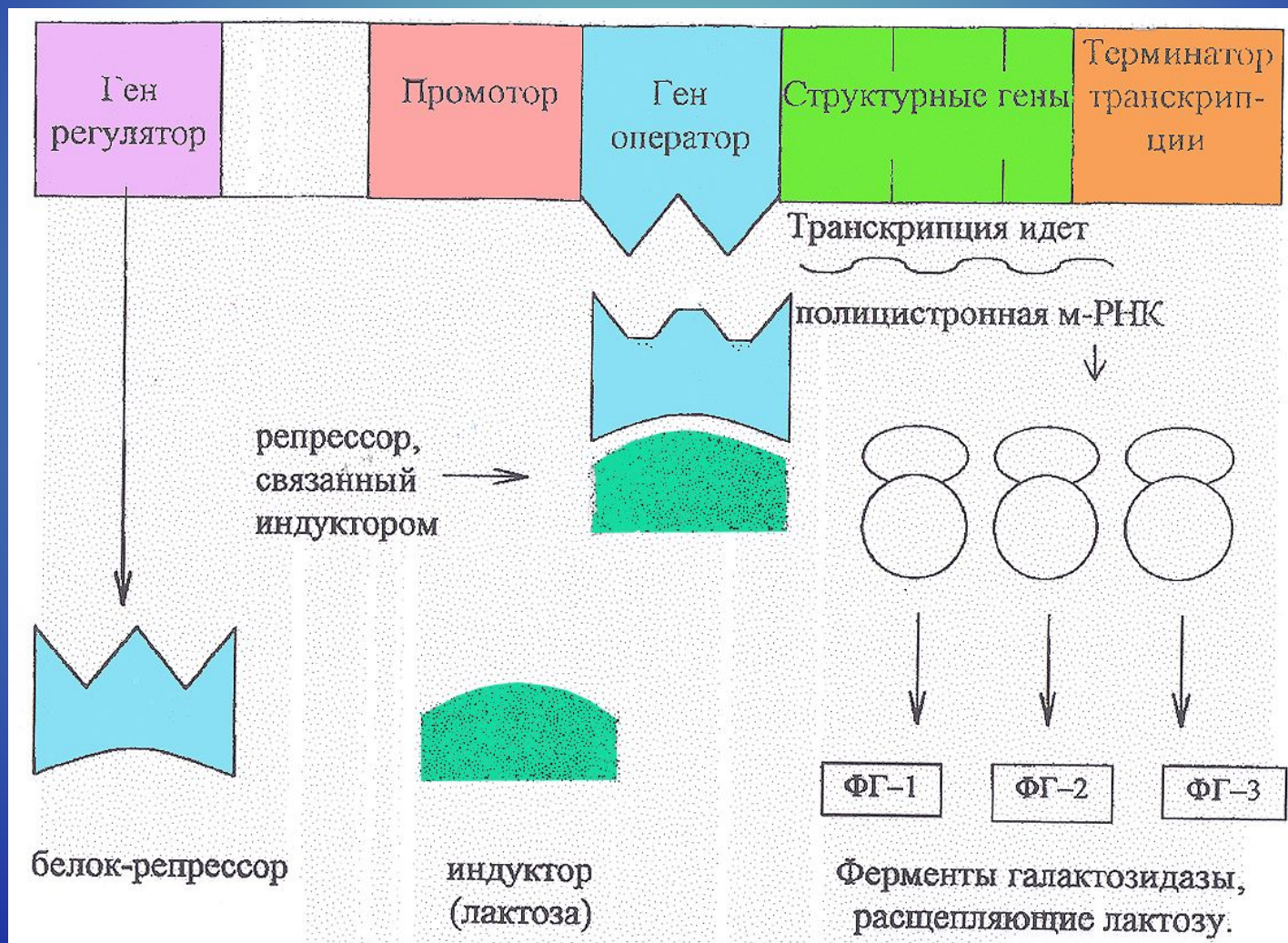


Рис. 1. Структурные гены оперона блокированы

Рис. 2. Дерепрессирование генов индуктором



Регуляция синтеза белка путем репрессии (рис. 3 и 4)

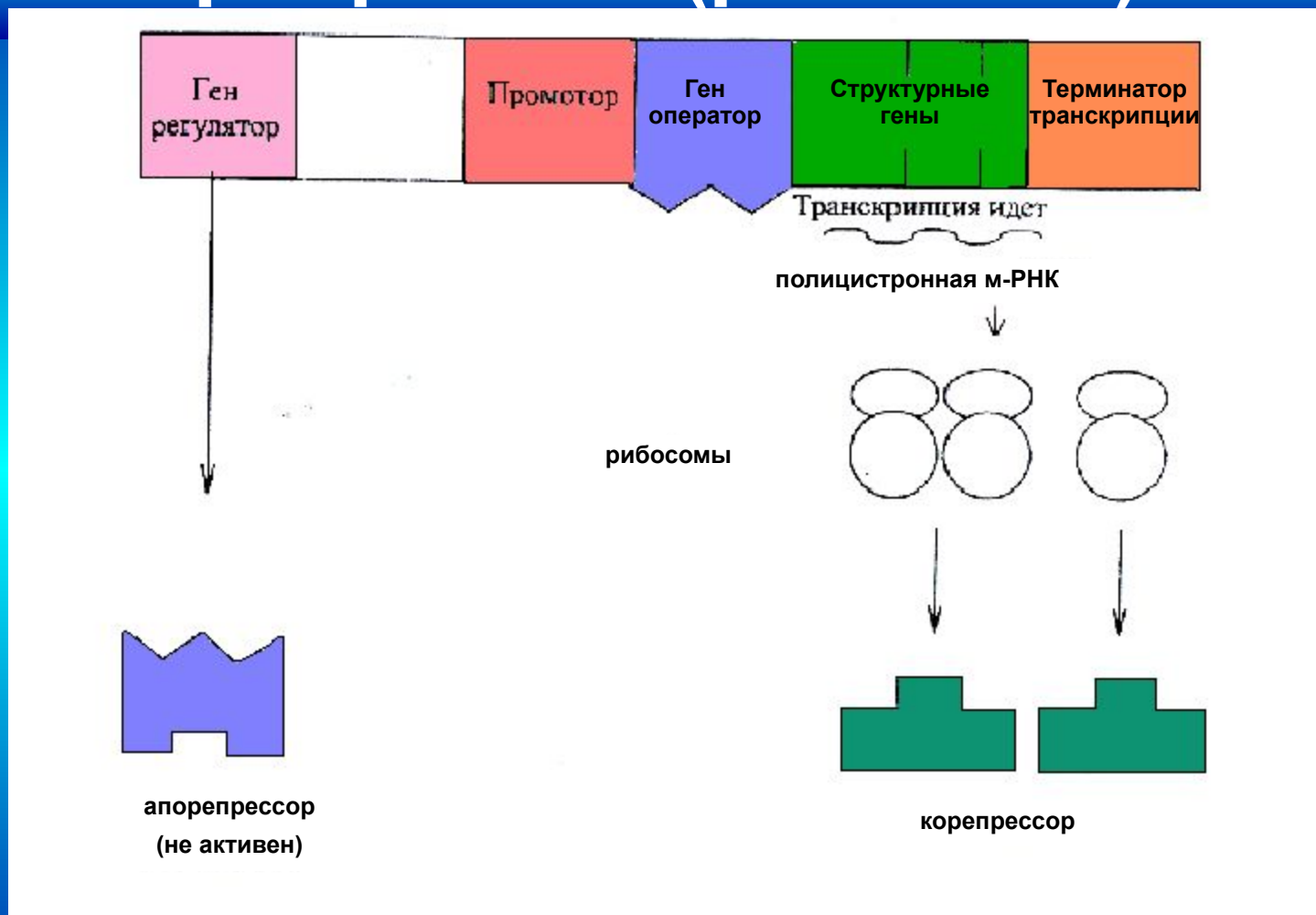


Рис. 3. При недостаточном количестве конечного продукта (корепрессора) оперон дерепрессирован.

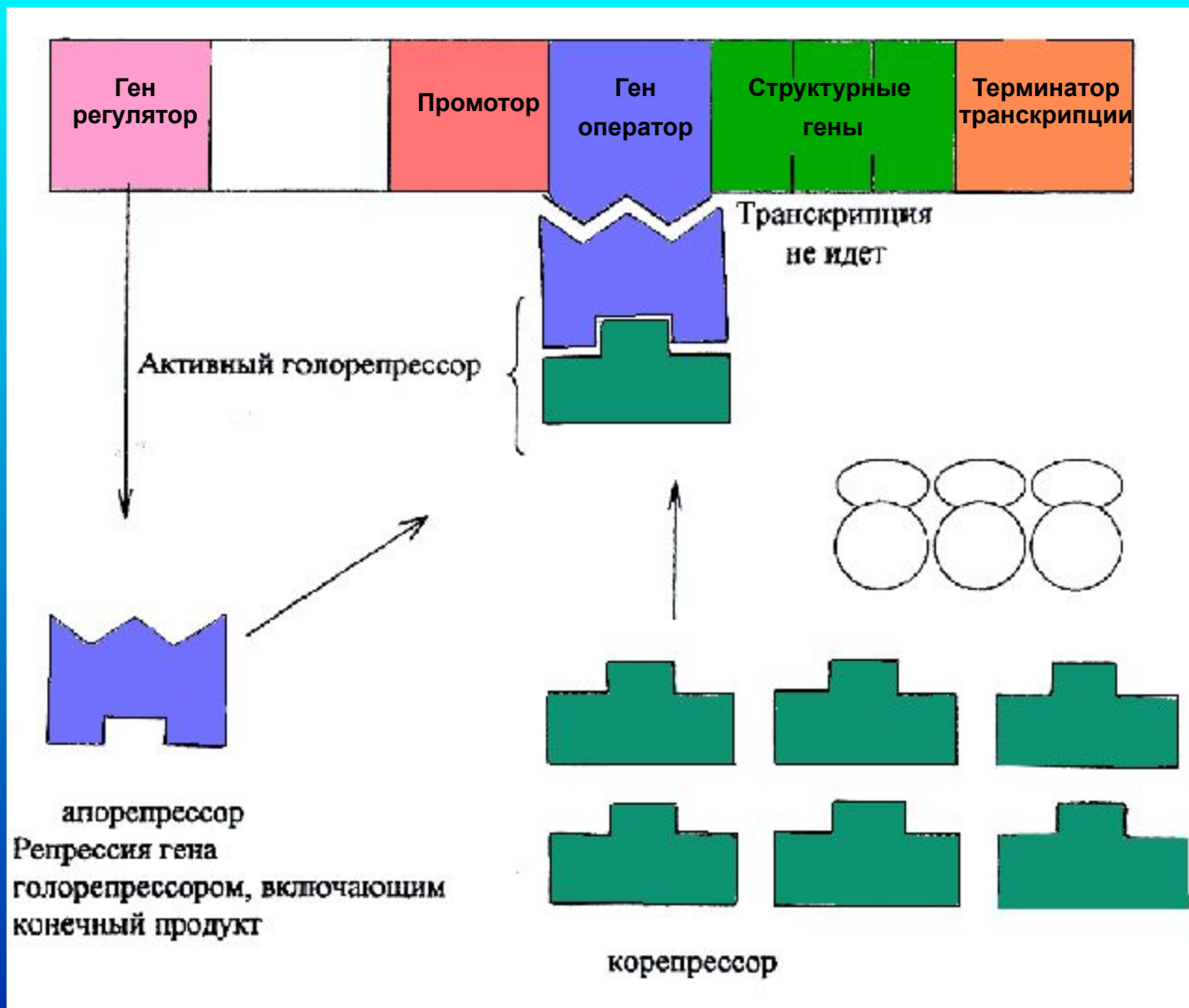


Рис. 4. При избыточном количестве конечного продукта оперон репрессирован активным голорепрессором.

Регуляция экспрессии генов у эукариот

ИС – индукционный сигнал
 С – сенсорный ген
 И – ген интегратор
 РБ – регуляторные белки
 Р – рецепторная последовательность нуклеотидов – «зона узнавания» регуляторного белка
 А, В, С... } - структурные гены
 К, L, M, N, I }

