

Control of gene expression

2

CELL 411--

(A)

NEGATIVE REGULATION

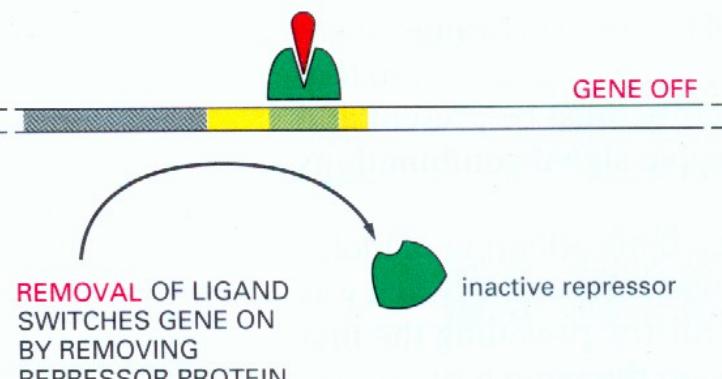
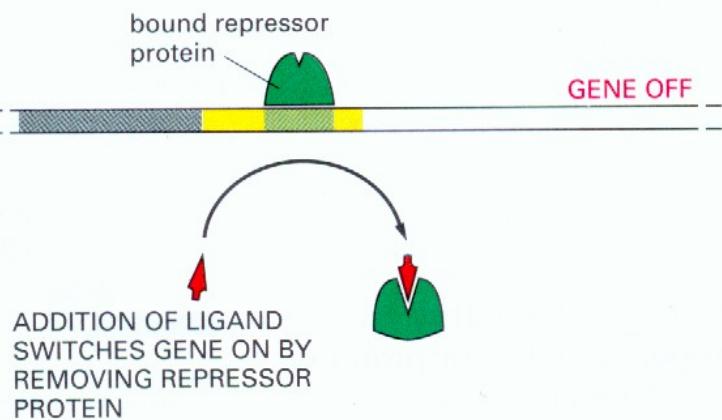
bound repressor protein prevents transcription

(B)

POSITIVE REGULATION

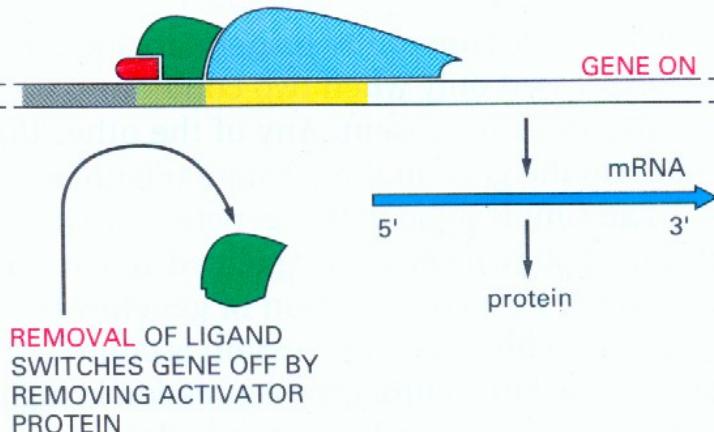
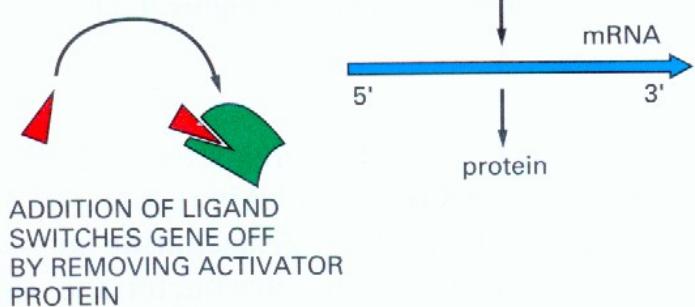
bound activator protein promotes transcription

LIGAND BINDS
TO REMOVE
REGULATORY
PROTEIN
FROM DNA

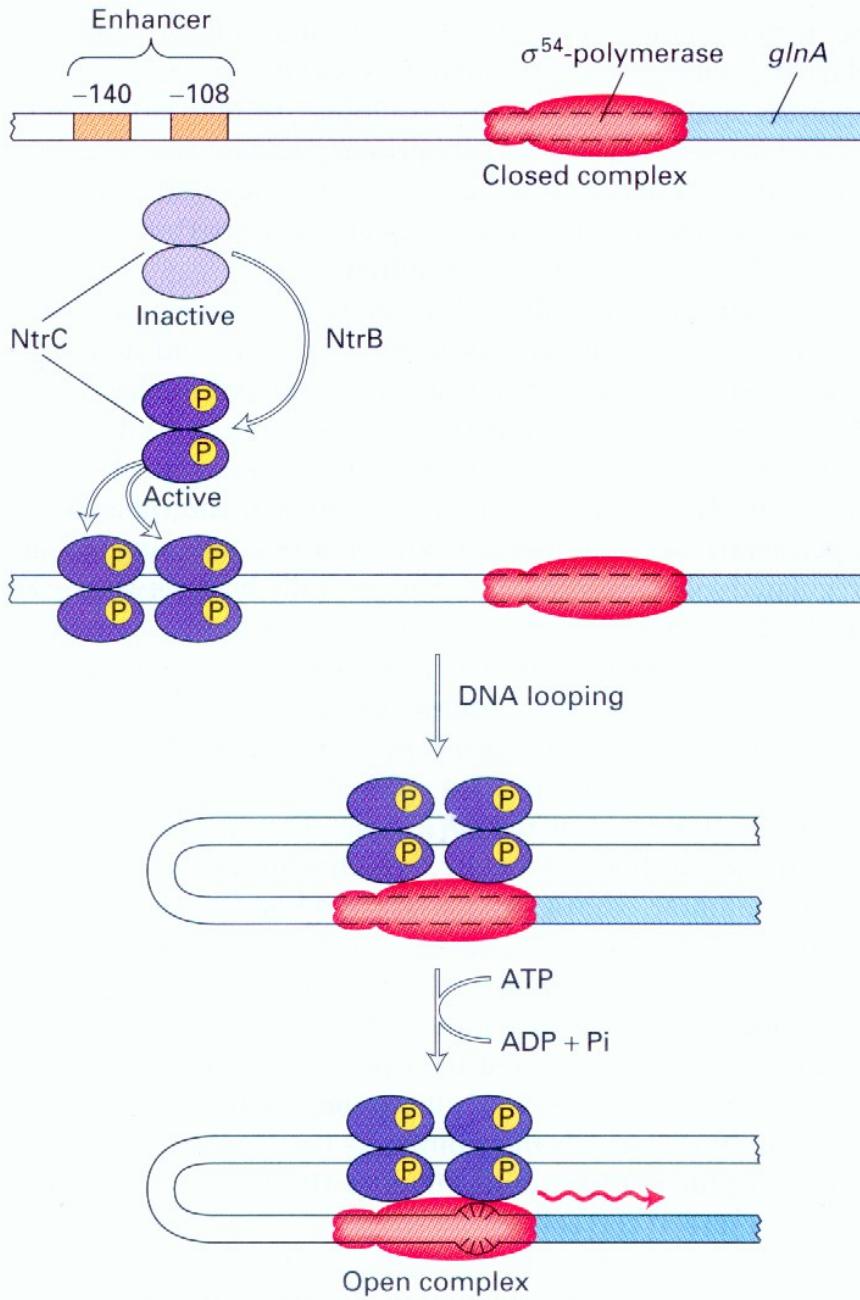


bound activator protein
RNA polymerase

GENE ON



Bakteerin geeniregulaation perusmahdollisuudet (nelikenttä, joka voi olla tenttikysymyksenä)



Toisenlainen regulaatio *E. coli*: glutamiini syntetaasin operoni

Muistutus: tämä muistuttaa eukaryoottia sikäli, että kaukana sijaitseva DNA-sekvenssi (enhancer) sitoo polymeraasia aktivoivan tekijän

Eukaryoottien geeniregulaation eroja verrattuna bakteereihin

Päähuomio on solun erikoislaadussa ja asemassa, ei ympäristössä

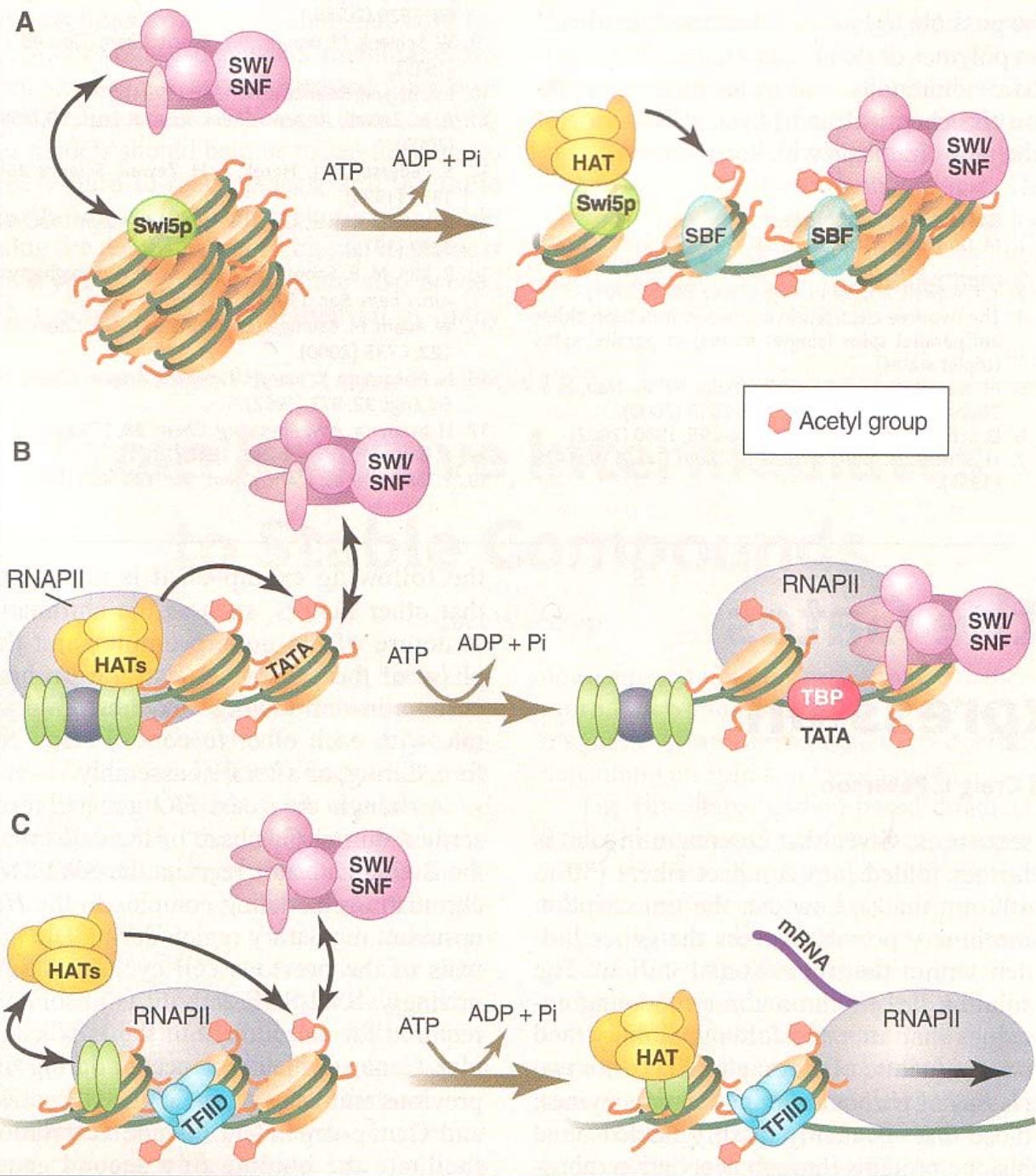
Viestintä solujen välillä on siis keskeistä (signaalit - reseptorit - regulaatio)

Jokaista transkriptiotapahtumaa voidaan aktivoida ja repressoida, kiihdyttää ja jarruttaa, ja nämä prosessit tapahtuvat keskenään “kommunikoiden” proteiinien kautta, jotka sitoutuvat DNA:han määrätyyn järjestykseen

DNA-sekvenssit, jotka sitovat erilaisia säätelymolekyylejä, vaikuttavat *cis*, vaikka eivät voikaan sijaita ihan promootterin vieressä; niiden koodeja on vaikea tulkita

Säätelyyn kuuluu myös mahdollisuus vaentaa geenejä metyloimalla DNA:ta tai asetyloimalla histoneja, nukleosomit (= histonit + DNA) ovat osa järjestelmää

Genomic imprinting CELL 223--



Jotta geenin transkriptioita voidaan säädellä, sen säätelysekvenssejä on voitava “lukea”.

Suuri luokka proteiineja, DNA:han sitoutuvat proteiinit (**DNA binding**) tunnistetaan nimenomaan **sitoutumismotiiveista**; niiden arvataan olevan transkription regulaattoreita, vaikkei (vielä) tiedettäisi, mitä ne oikein säätlevät.

Sinkkisormet Zn²⁺-ioni yhdistää joitakin aminohappoja (esim 4 kysteiniä tai 2 kysteiniä ja 2 histidiiniä) erityiseksi aiheeksi, joka sitoutuu DNA:han.

Homeodomain 60 aminohapon mittainen konservatiivinen aihe, jotka liittyvät eläinten kehysbiologisiin säätelysysteemeihin!

Winged helix (forkhead)

Leusiinivetoketju (Leucine zipper)

Helix-loop-helix

Helix-turn-helix

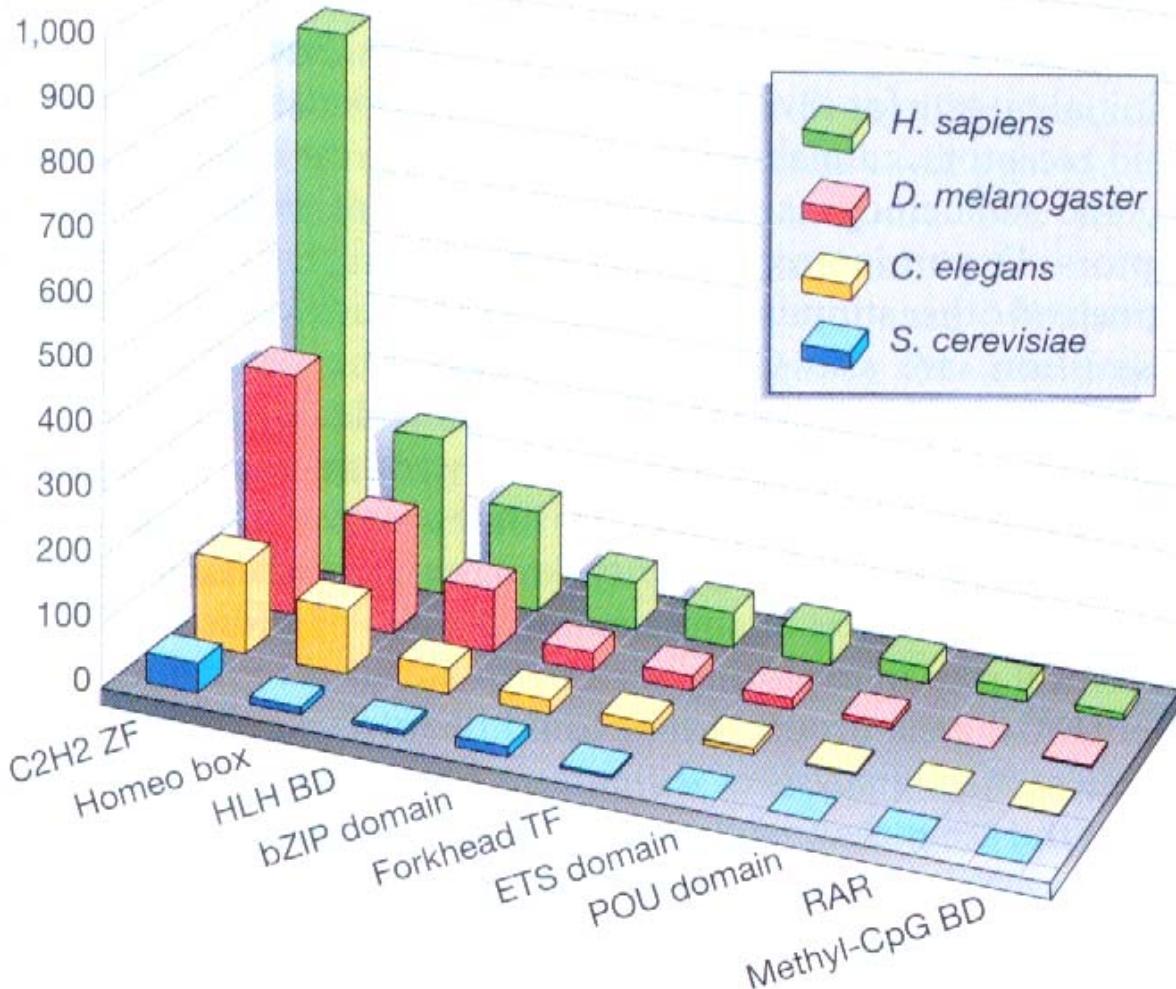


Figure 1 Genome-wide comparison of transcriptional activator families in eukaryotes. The relative sizes of transcriptional activator families among *Homo sapiens*, *D. melanogaster*, *C. elegans* and *S. cerevisiae* are indicated, derived from an analysis of eukaryotic proteomes using the INTERPRO database, which incorporates Pfam, PRINTS and Prosite. The transcription factors families shown are the largest of their category out of the 1,502 human protein families listed by the IPI.

Kun ihmisen genomi oli luettu, etsittiin ja tulkittiin transkriptiofaktorit ja verrattiin geeniperheitä muiden sekvensoitujen eukaryoottien kanssa

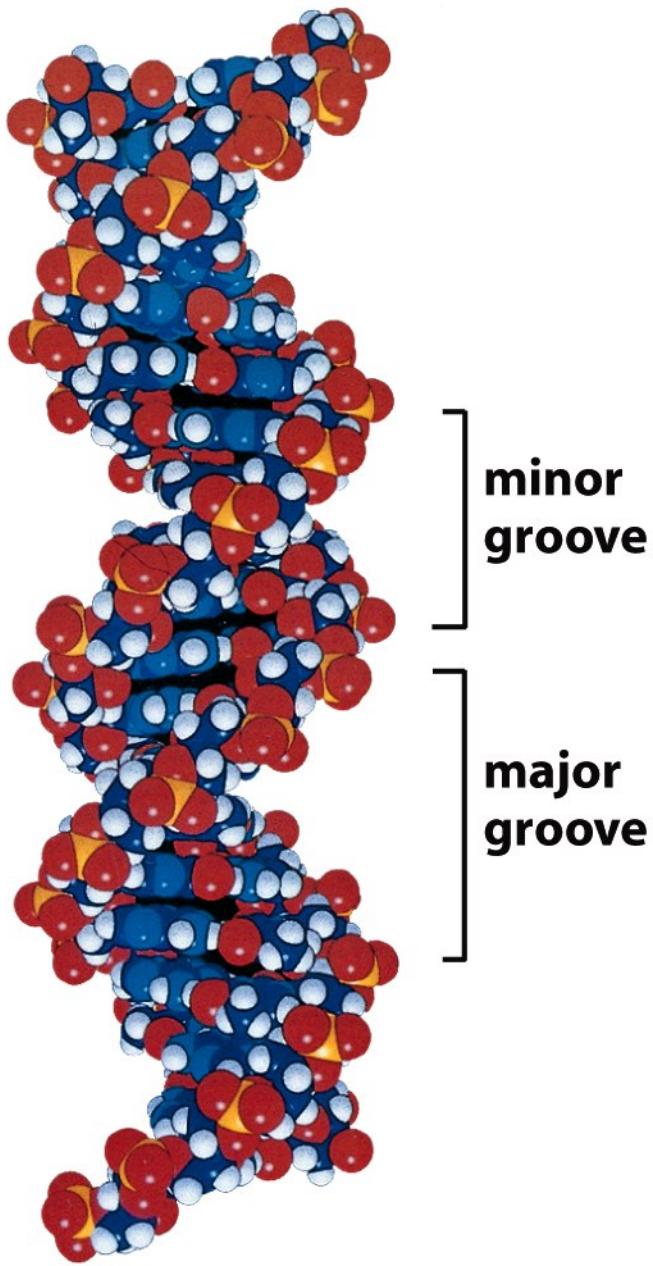
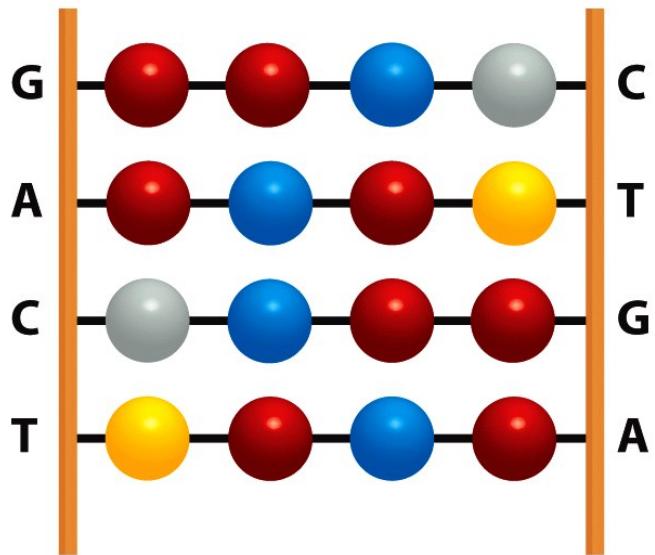
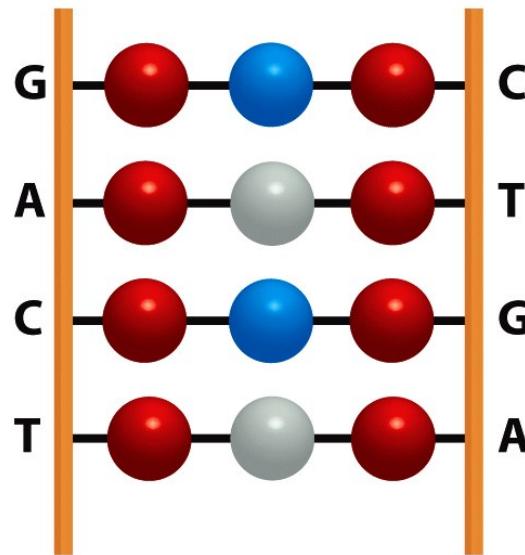


Figure 7-6 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

major groove



minor groove



KEY:

- = H-bond acceptor
- = H-bond donor
- = hydrogen atom
- = methyl group

DNA:n koodi säätely- ja tulkinta lukijoiden *silmin* on monipuolisempi kuin pelkät neljä kirjainta

Siksi tästä koodista on vaikea selvittää. Koodisanoja on yhtä monta (tai enemmän?) kuin on säätelyproteiinejakin ja niitä on tosi paljon

Sitoutuminen
on aina
kemiallista;
tässä asteikossa
ei ole tunto-
eikä näköaistia

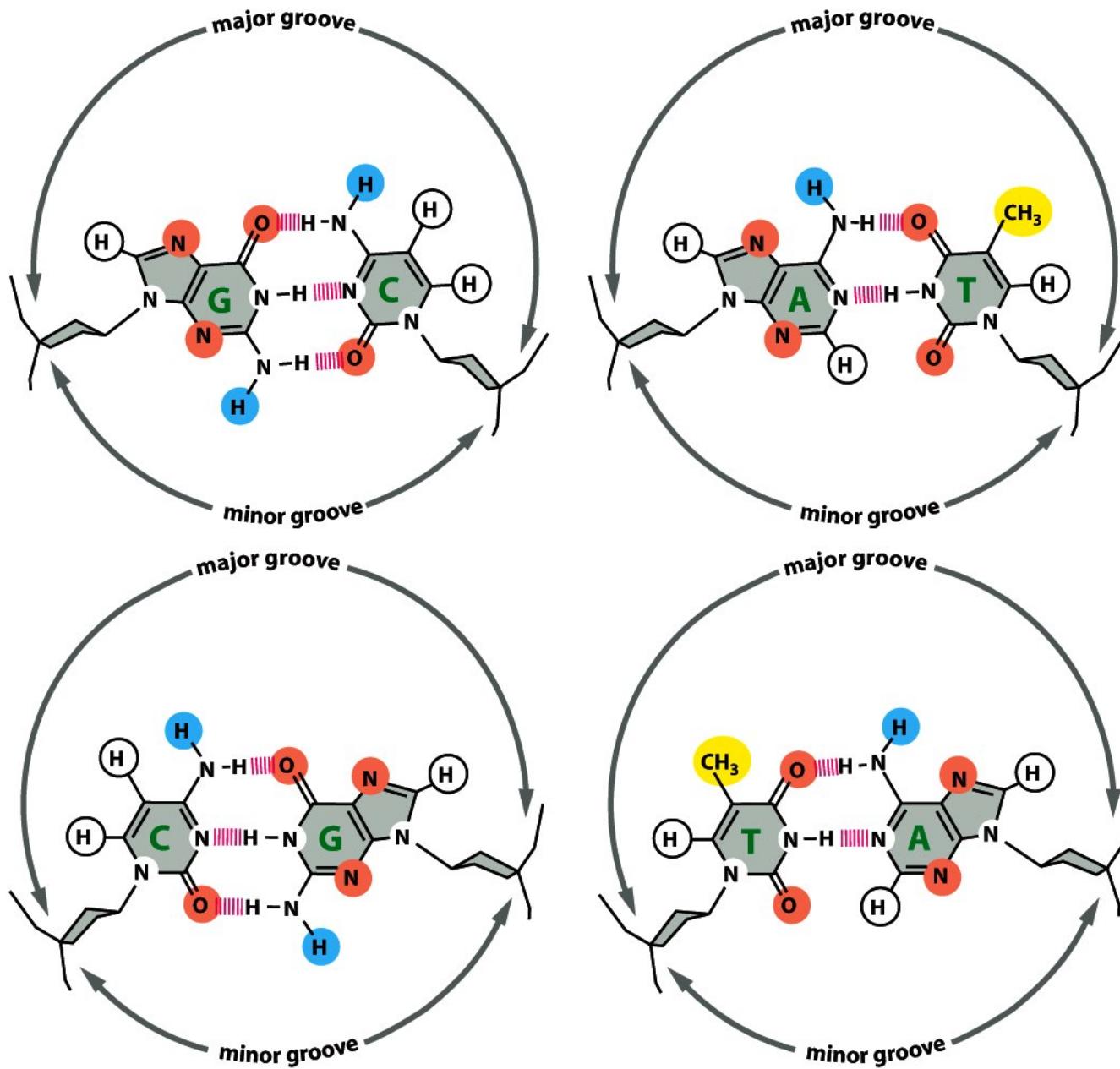


Figure 7-7 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

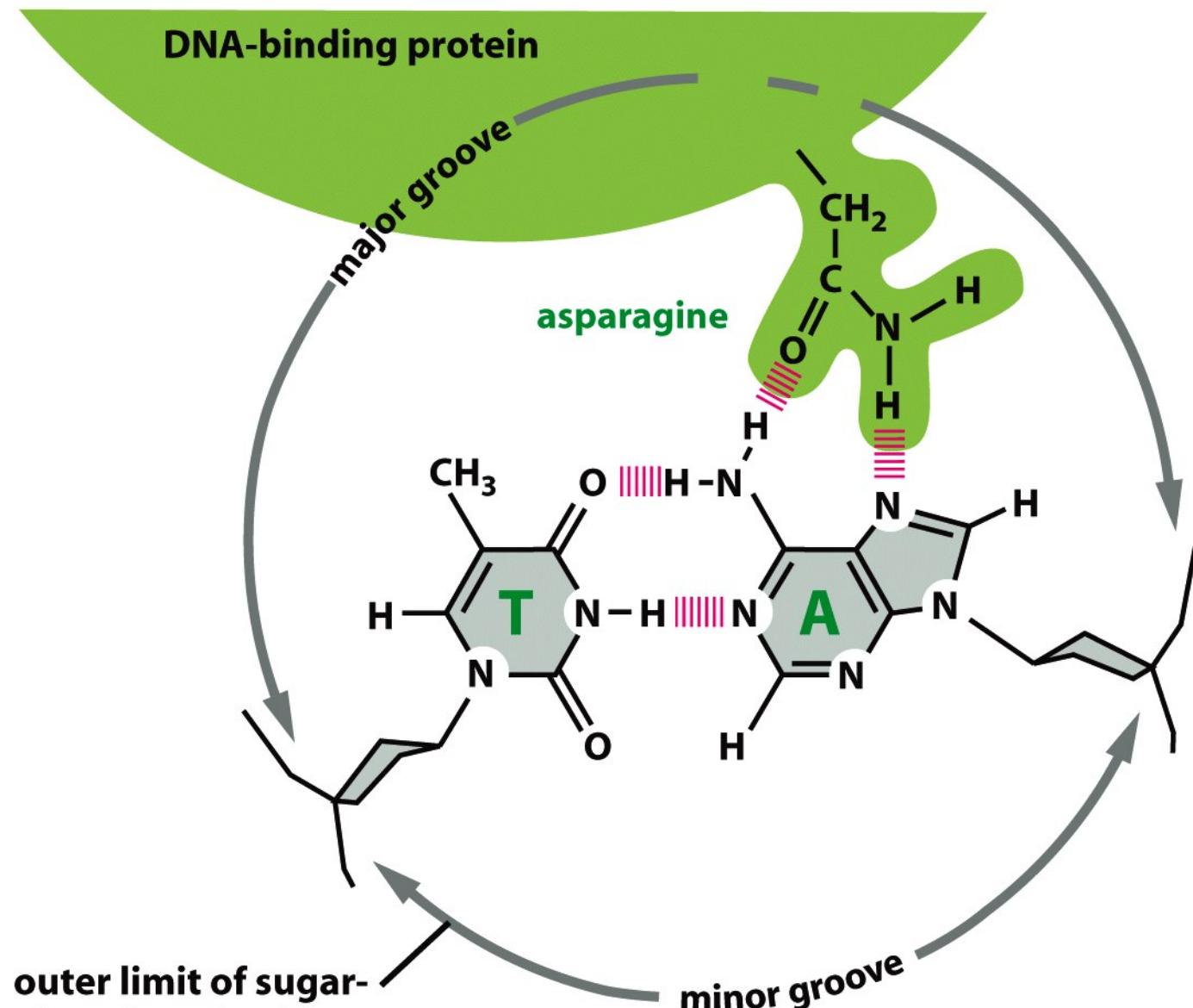


Figure 7-9 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

Table 7–1 Some Gene Regulatory Proteins and the DNA Sequences That They Recognize

NAME		DNA SEQUENCE RECOGNIZED*
Bacteria	Lac repressor	5' AATTGTGAGCGGATAACAATT 3' TTAACACTCGCCTATTGTTAA
	CAP	TGTGAGTTAGCTCACT ACACTCAATCGAGTGA
	Lambda repressor	TATCACCGCCAGAGGT ATAGTGGCGGTCTCCAT
Yeast	Gal4	CGGAGGACTGTCCCTCCG GCCTCCTGACAGGGAGGC
	Mat α 2	CATGTAATT GTACATTAA
	Gcn4	ATGACTCAT TACTGAGTA
<i>Drosophila</i>	Kruppel	AACGGGTTAA TTGCCCAATT
	Bicoid	GGGATTAGA CCCTAACATCT
Mammals	Sp1	GGGCGG CCCGCC
	Oct1 Pou domain	ATGCAAAT TACGTTA
	GATA1	TGATAG ACTATC
	MyoD	CAAATG GTTTAC
	p53	GGGCAAGTCT CCCGTTAGA

*For convenience, only one recognition sequence, rather than a consensus sequence (see Figure 6–12), is given for each protein.

Pieni valikoima "sanoja" säätelyteksteistä, jotka koskevat hyvin suppeaa transkriptiosäätelijöiden joukkoa

CELL 418

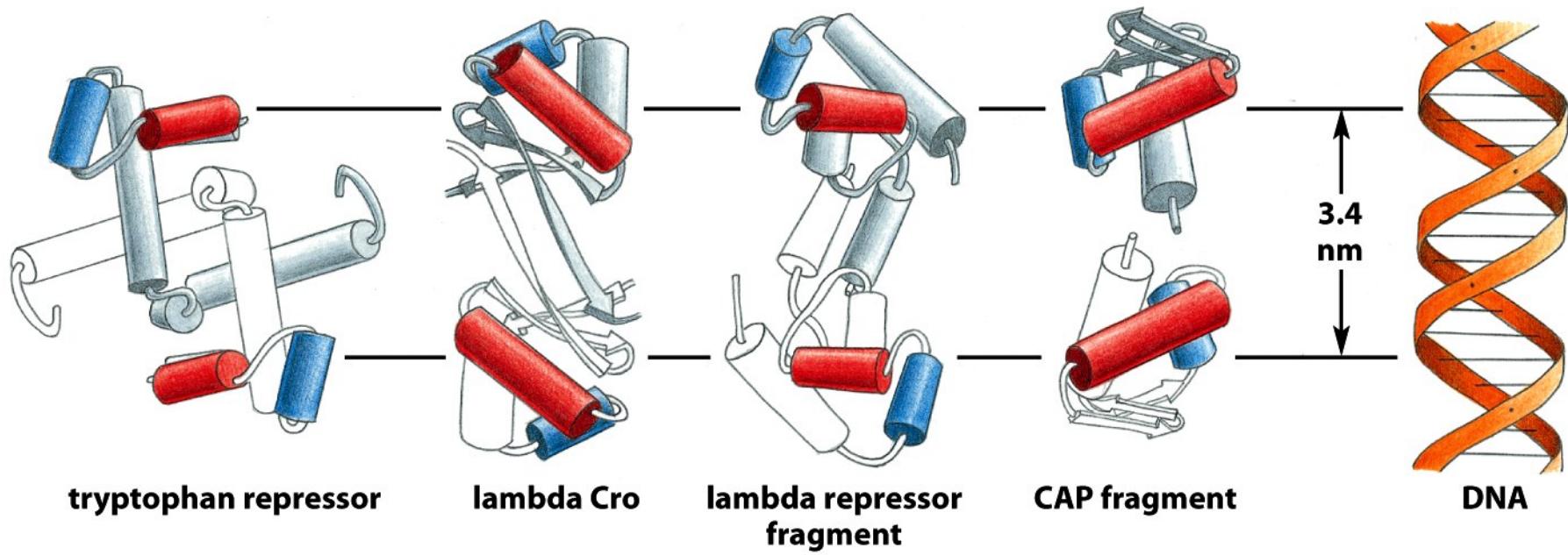
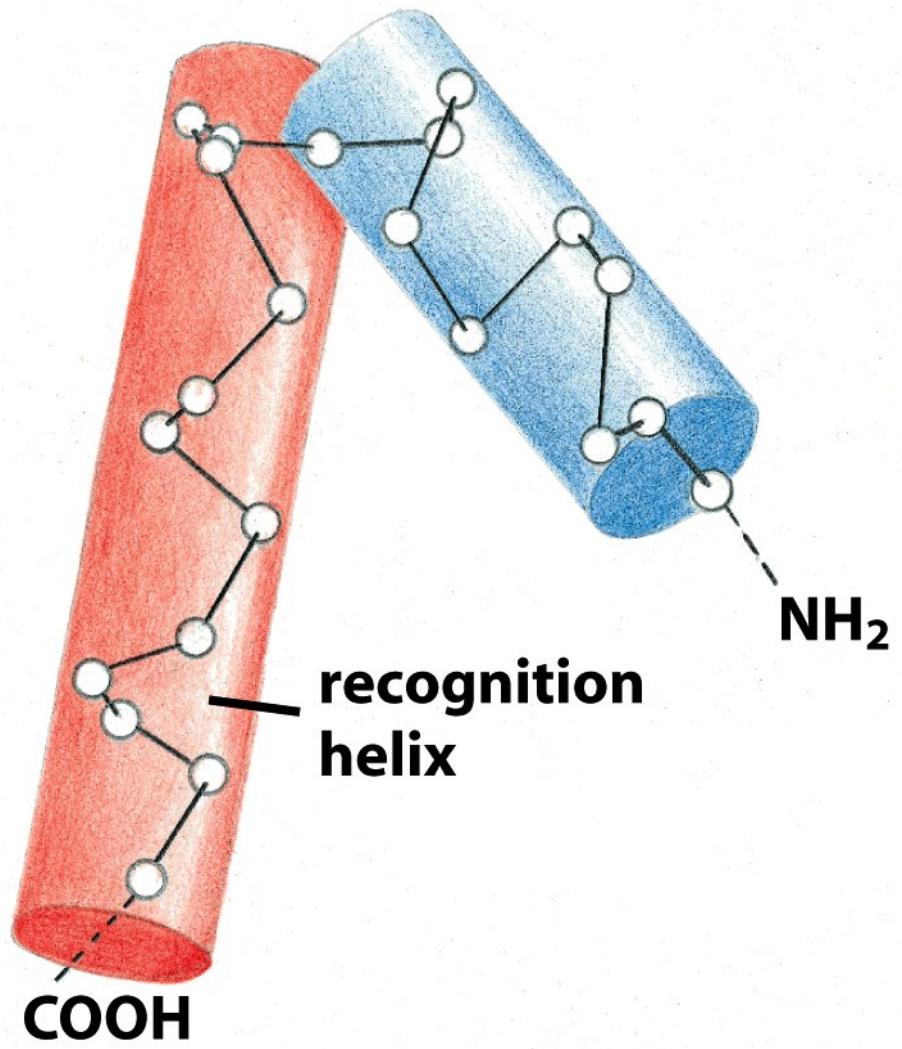


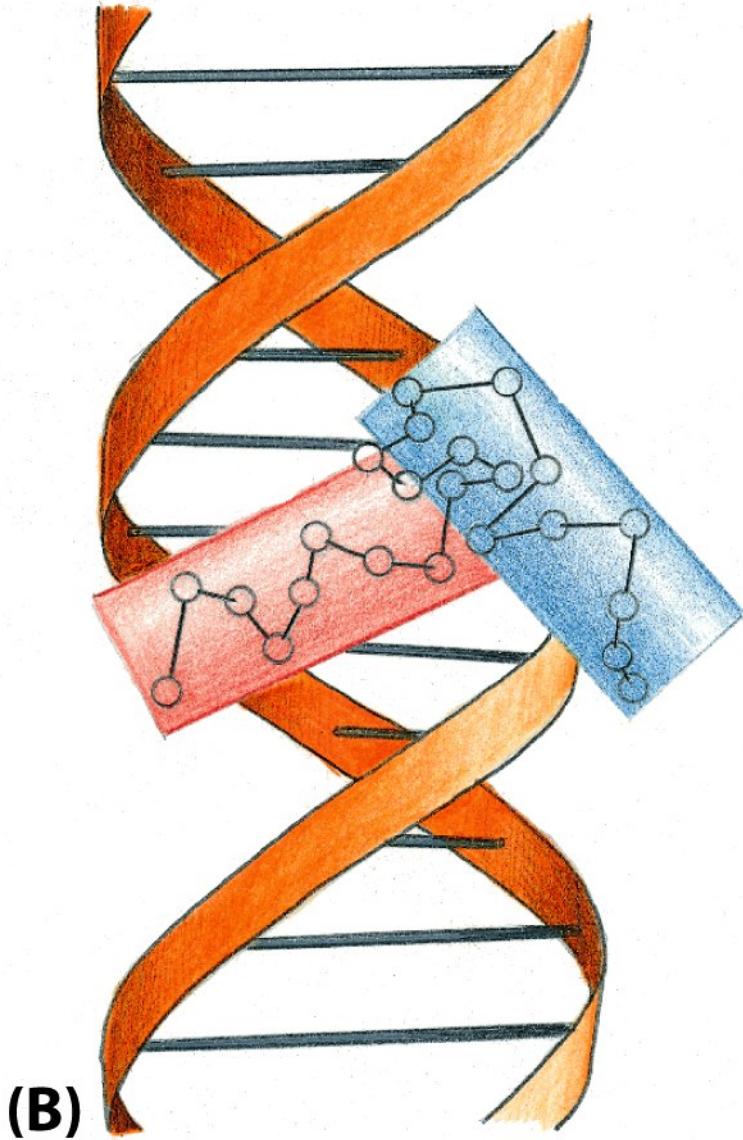
Figure 7-11 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

CELL 420

helix-turn-helix säätelijöitä



(A)



(B)

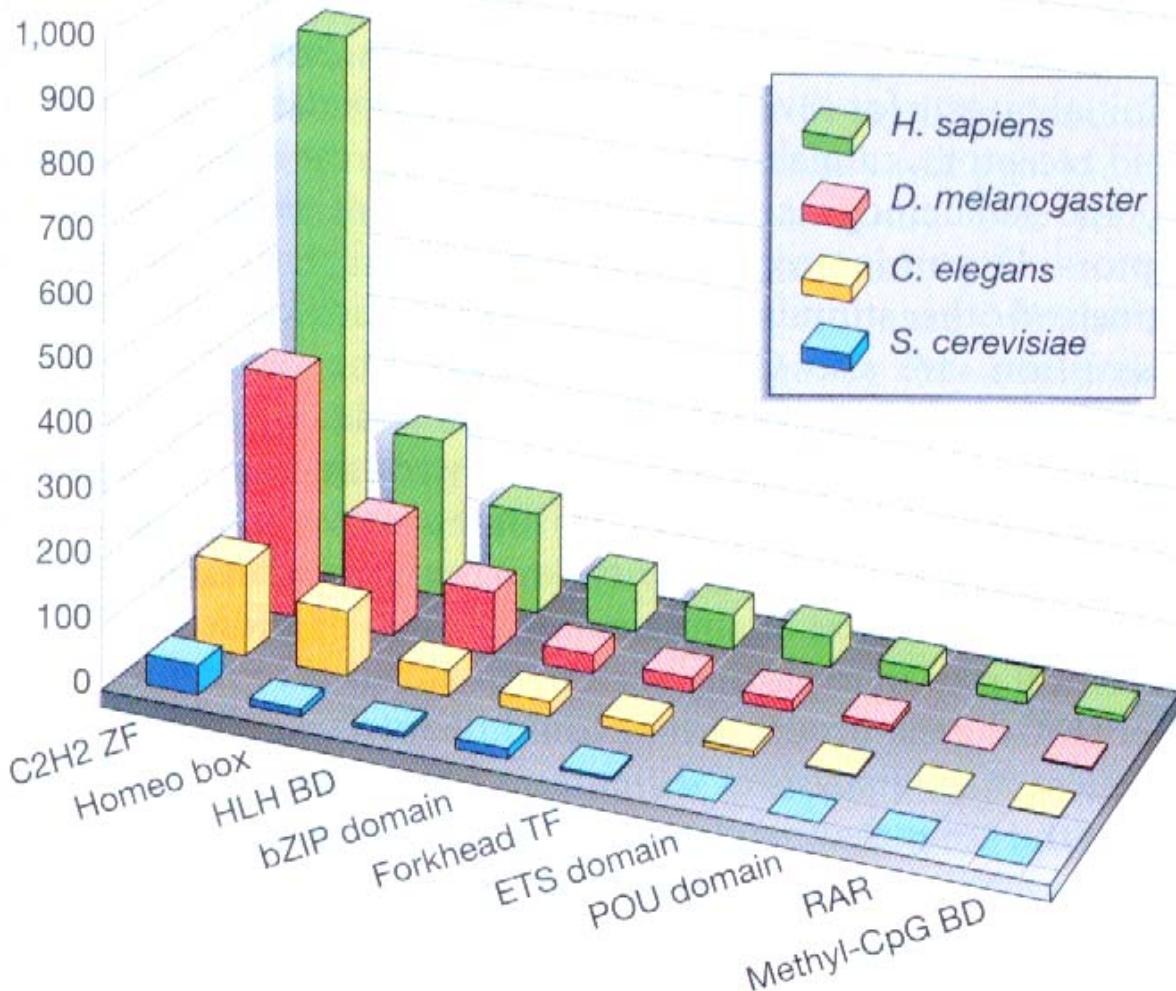
Figure 7-10 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)



Figure 7-12 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

Faagi lambdan Cro-proteiinin kohdesekvenssi

CELL 421



C2H2 ZF

sinkkisormet

ylivoimaisesti yleisin luokka meillä ihmisiillä

Figure 1 Genome-wide comparison of transcriptional activator families in eukaryotes. The relative sizes of transcriptional activator families among *Homo sapiens*, *D. melanogaster*, *C. elegans* and *S. cerevisiae* are indicated, derived from an analysis of eukaryotic proteomes using the INTERPRO database, which incorporates Pfam, PRINTS and Prosite. The transcription factors families shown are the largest of their category out of the 1,502 human protein families listed by the IPI.

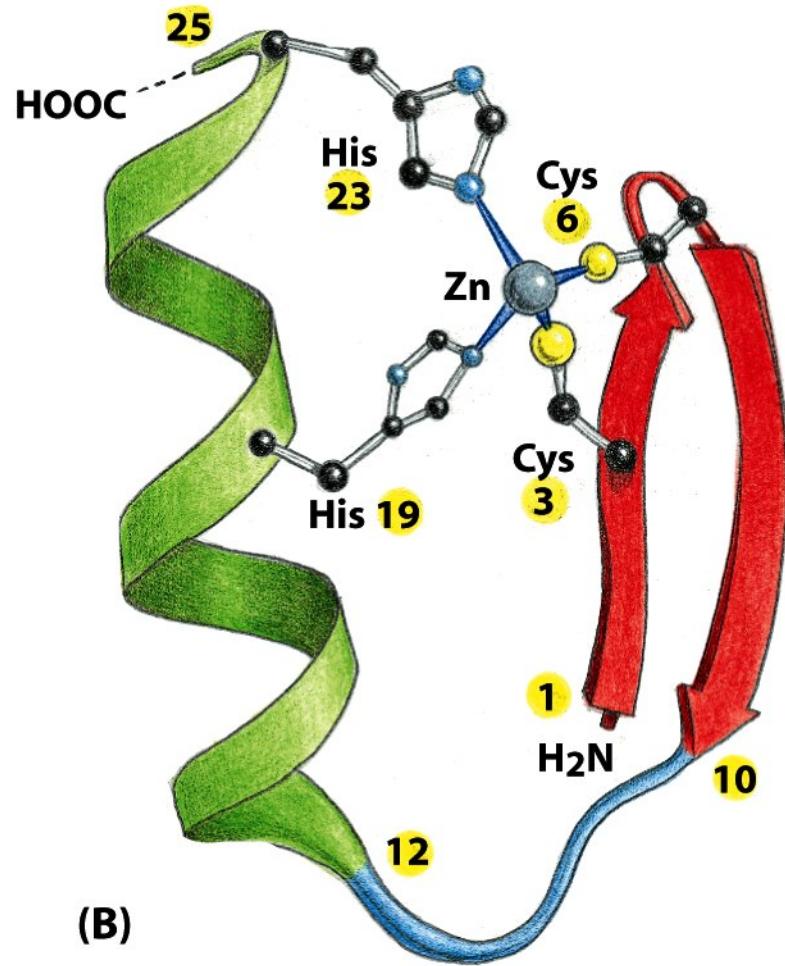
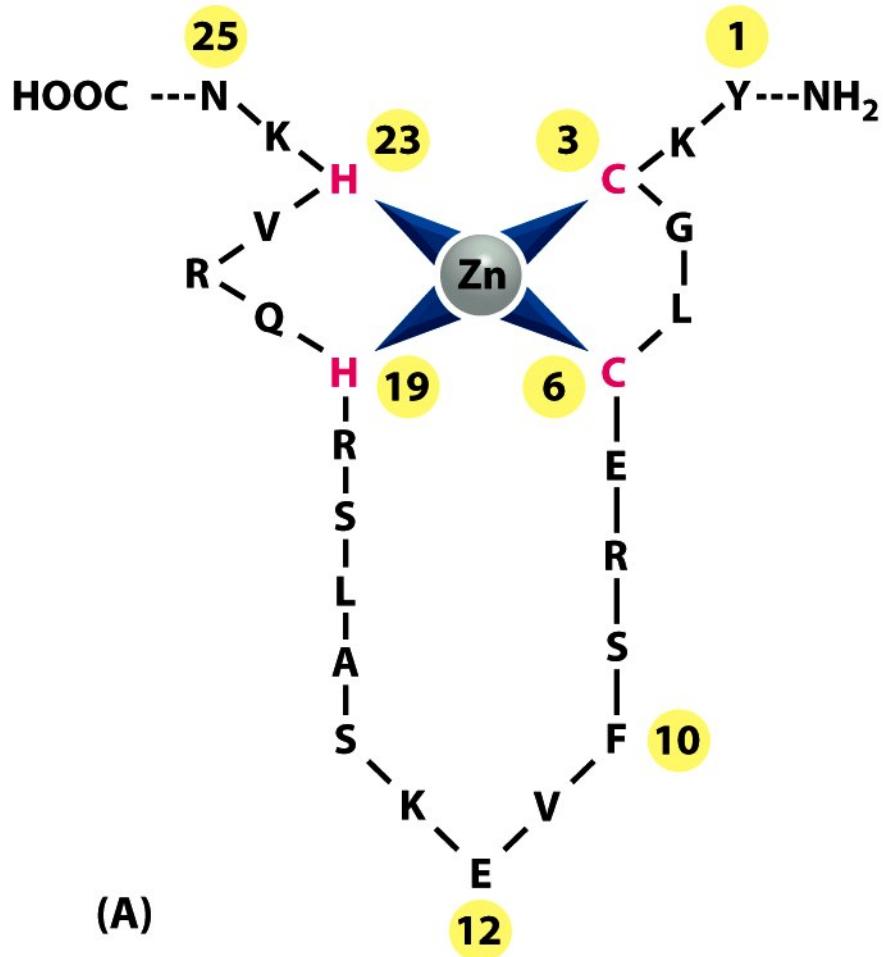
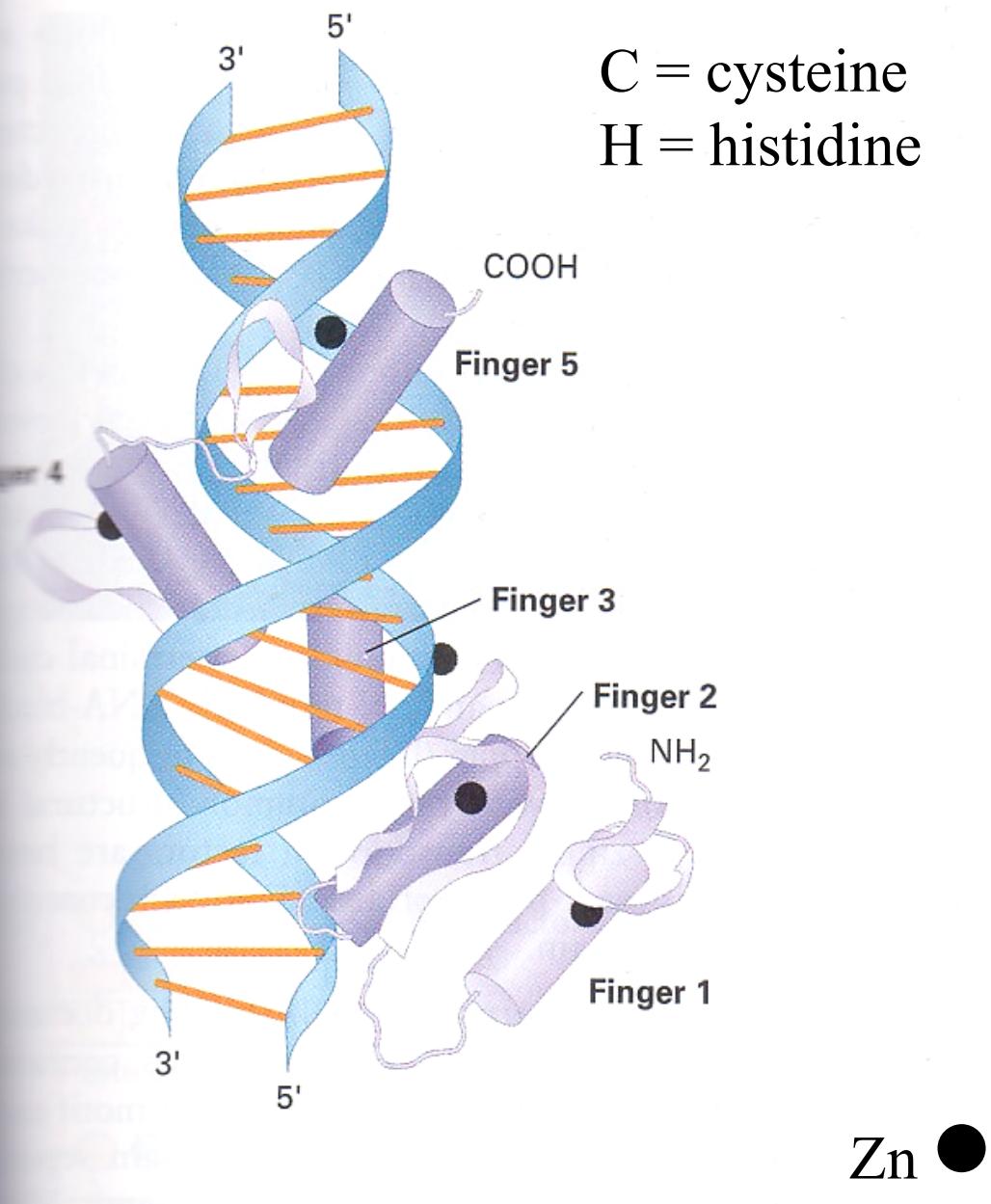
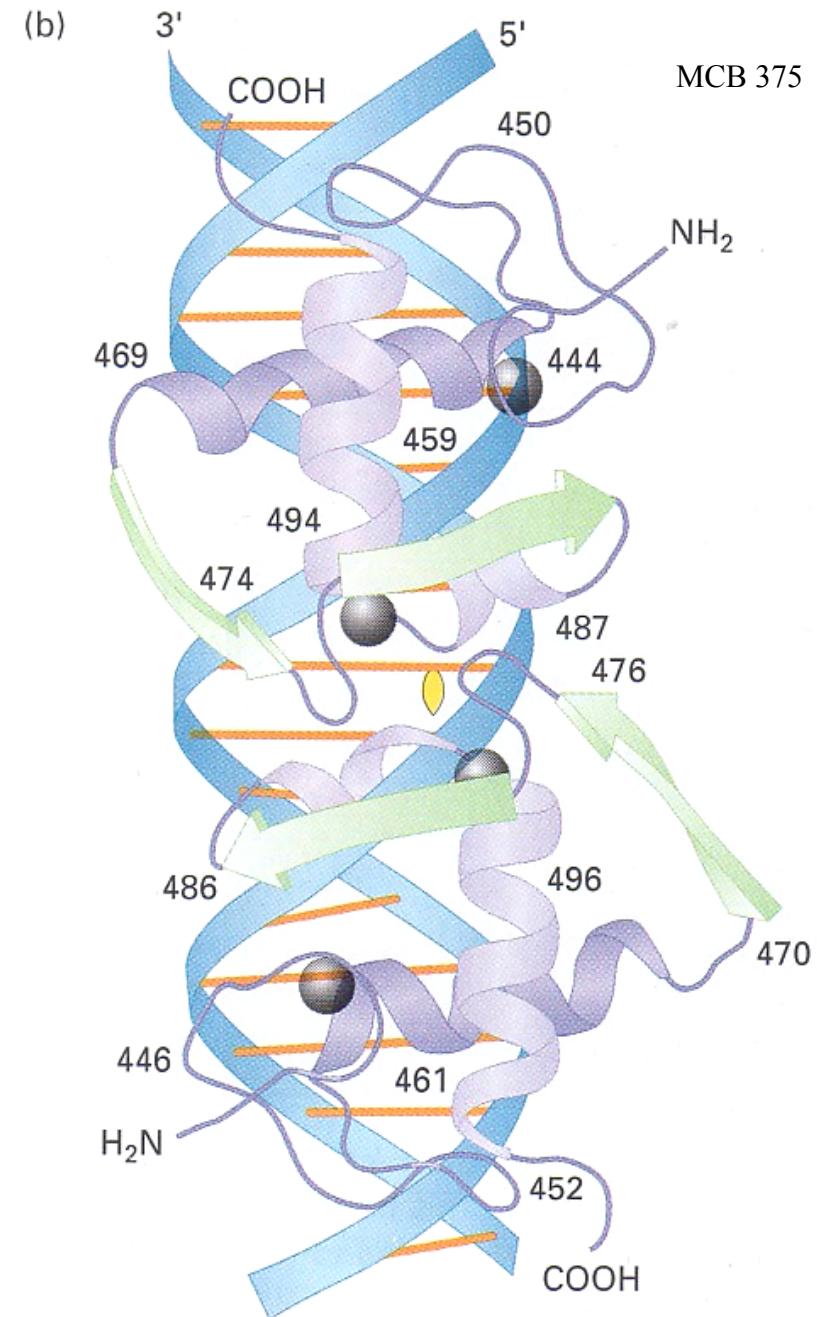


Figure 7-14 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

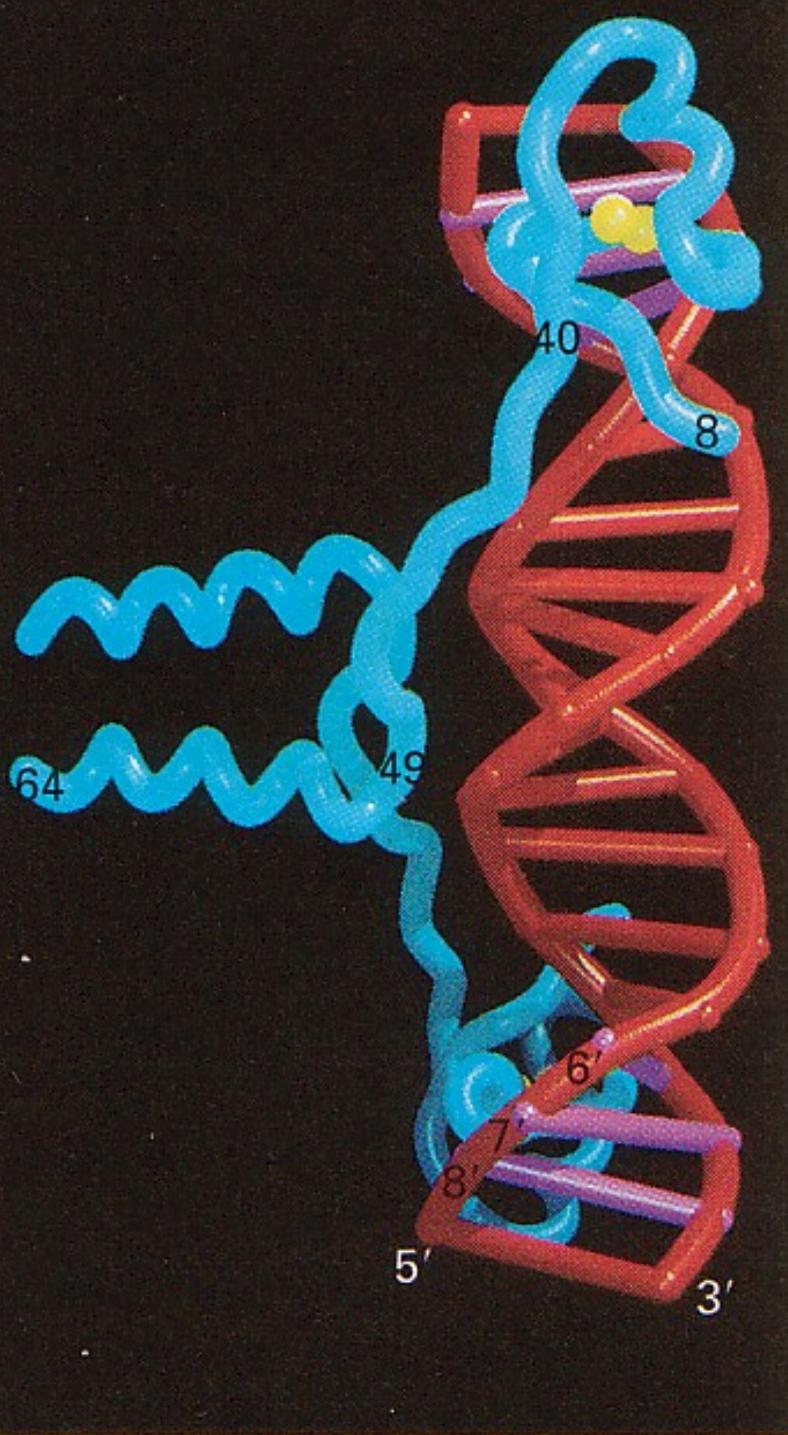
C₂H₂-sinkkisormen idea. Sopivan välein toistuvista *his* ja *cys* aminohapoista voidaan tällainen motiivi aavistaa geeninä lueskeltaessa



Viisisorminen C2H2 monomeeri GL1



C4 -sinkkisormi



C6 - sinkkisormi (homodimeeri)

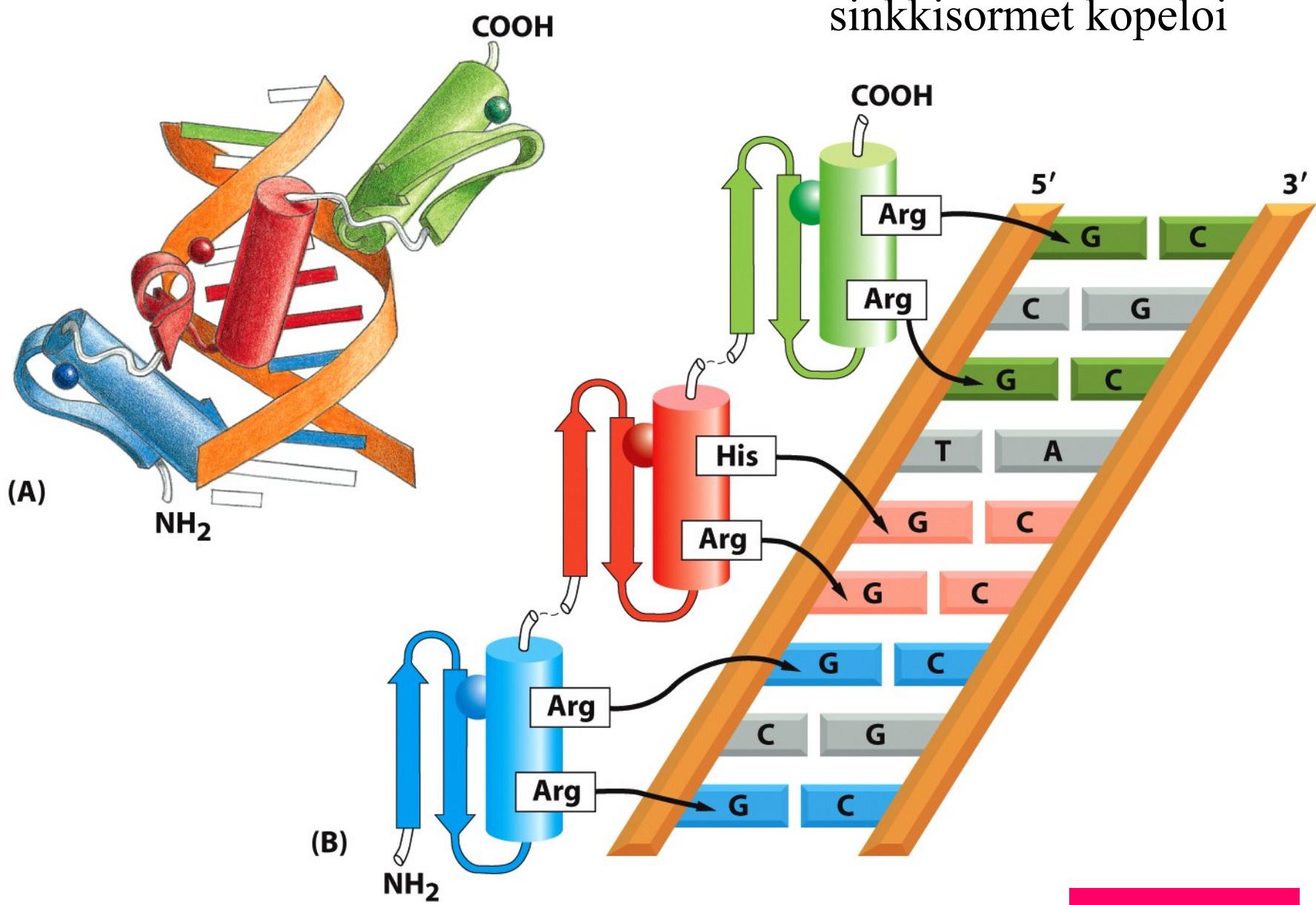


Figure 7-15 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

CELL 422

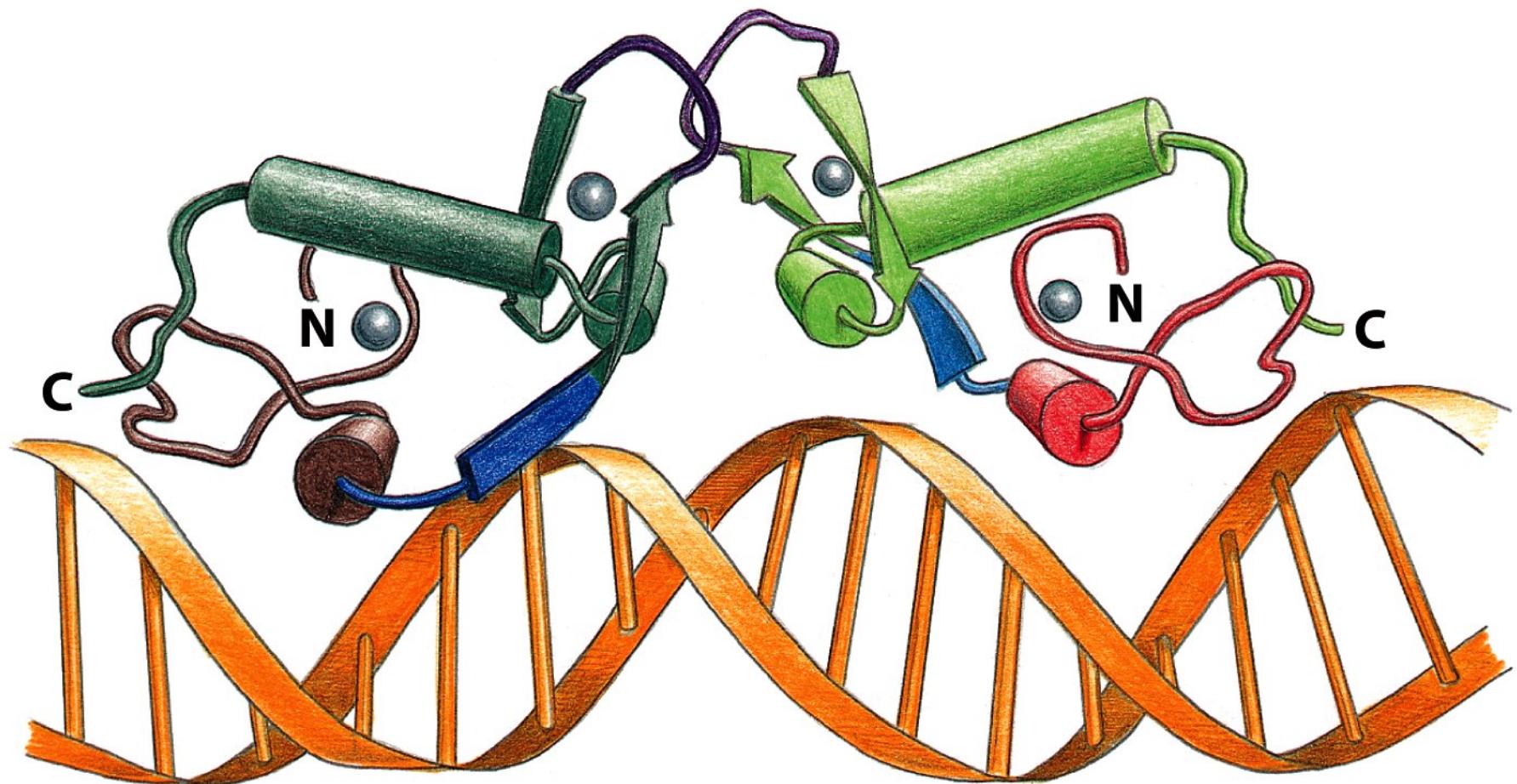
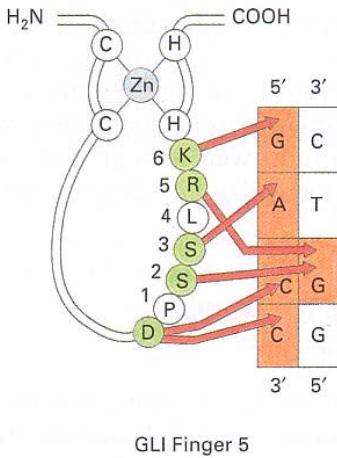
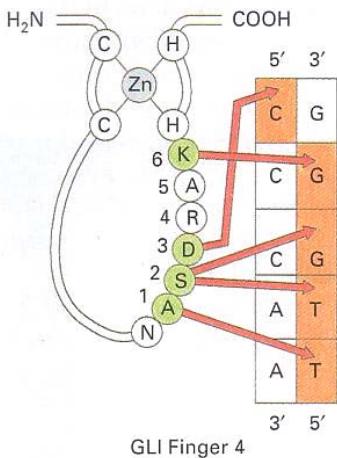
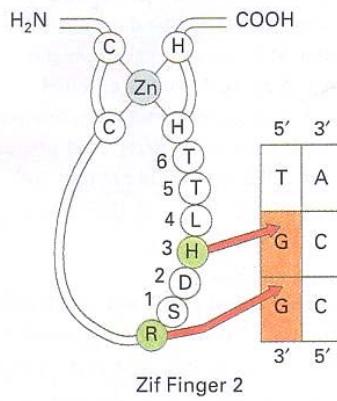
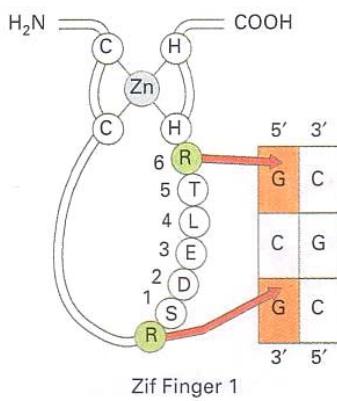
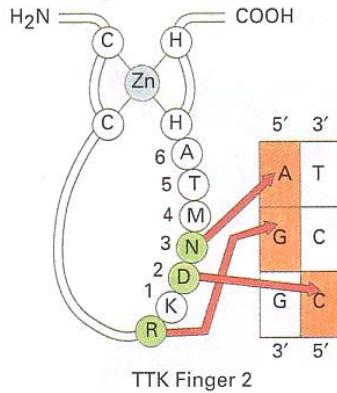
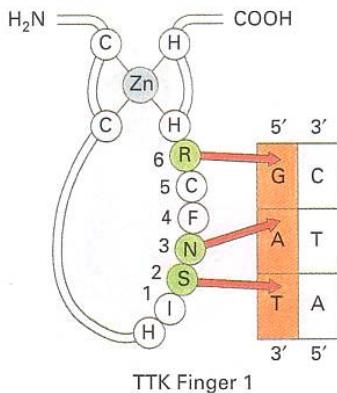


Figure 7-16 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

sinkkisormidimeeri

CELL 423



Sinkkisormien sekvenssispesifiset interaktiot

Aminohappokoodin tärkeät 'kirjaimet' vihreällä

Nukleotidikoodin tärkeät 'kirjaimet' oranssilla

C = kysteini

H = histidiini

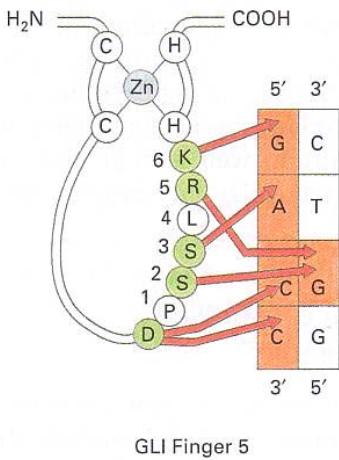
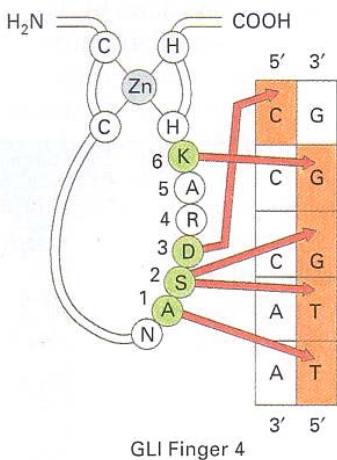
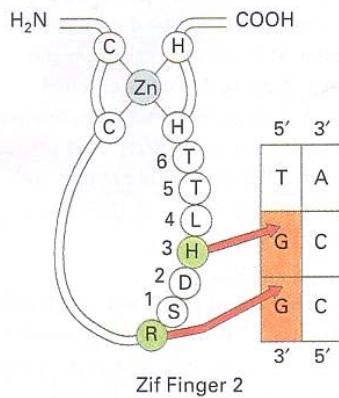
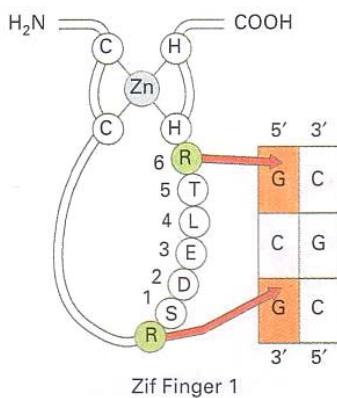
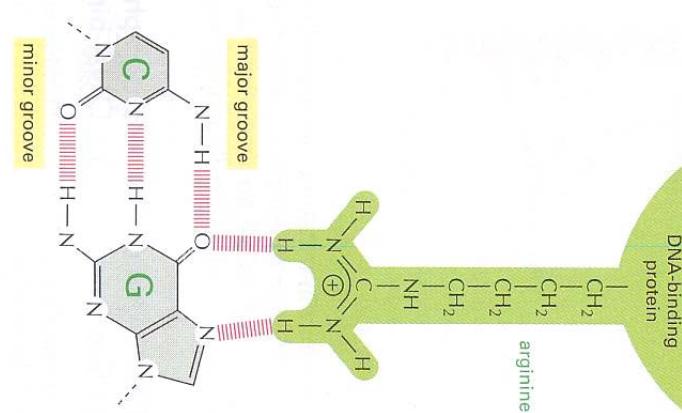
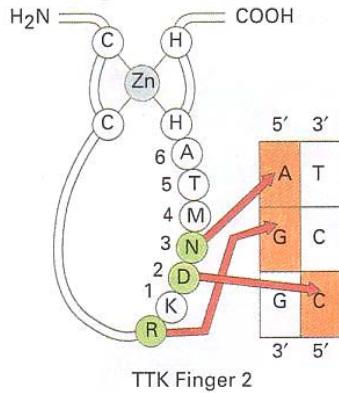
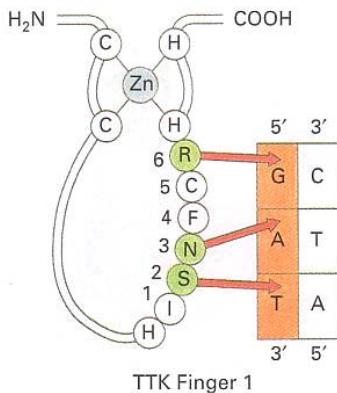
R = arginiini

N = asparagiini

S = seriini

D = aspartaattihappo

K = lysiini



R = arginiinin sivuketju on erikoisen sopiva sitoutumaan guaniiniin ja on usein tunnistusavaimen tärkeä osa



Leusiinivetoketju (zipper)

CELL 424

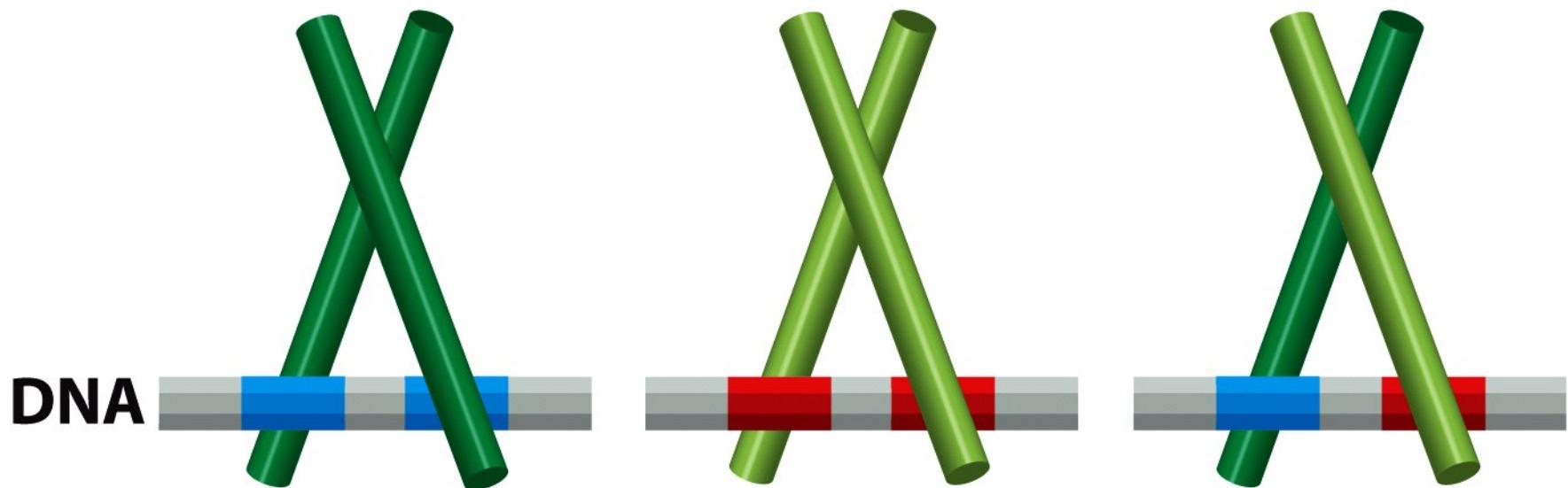
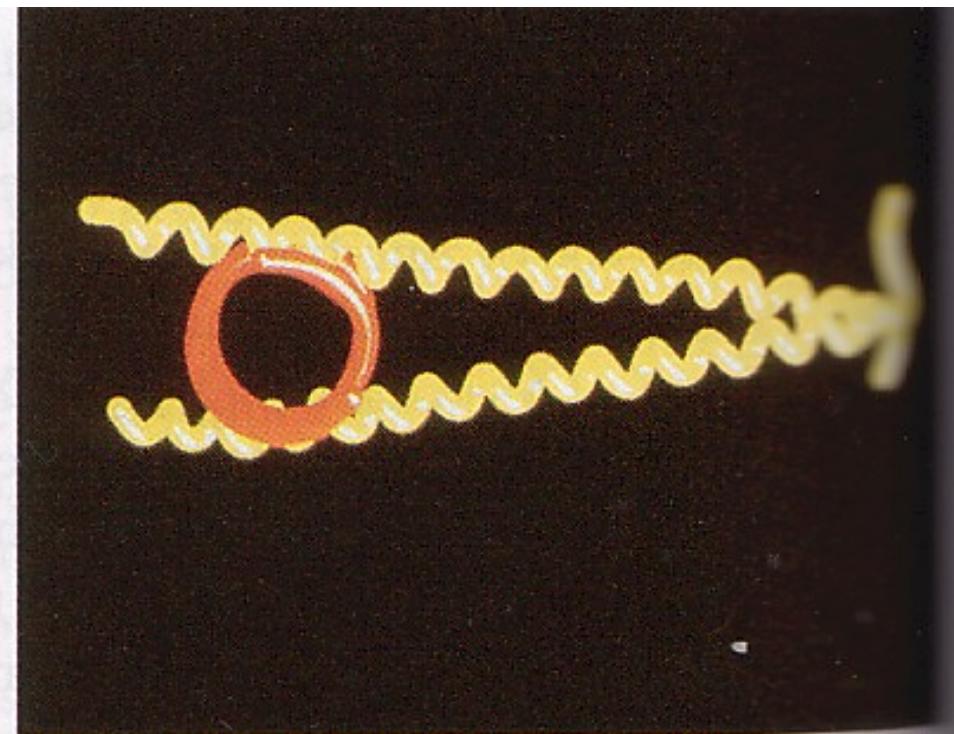
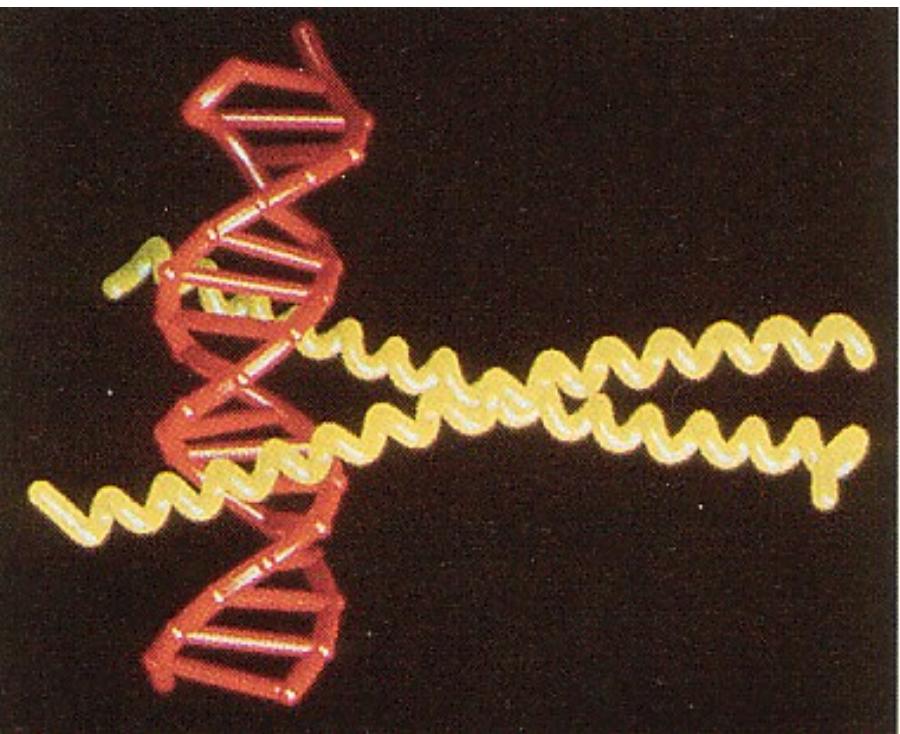
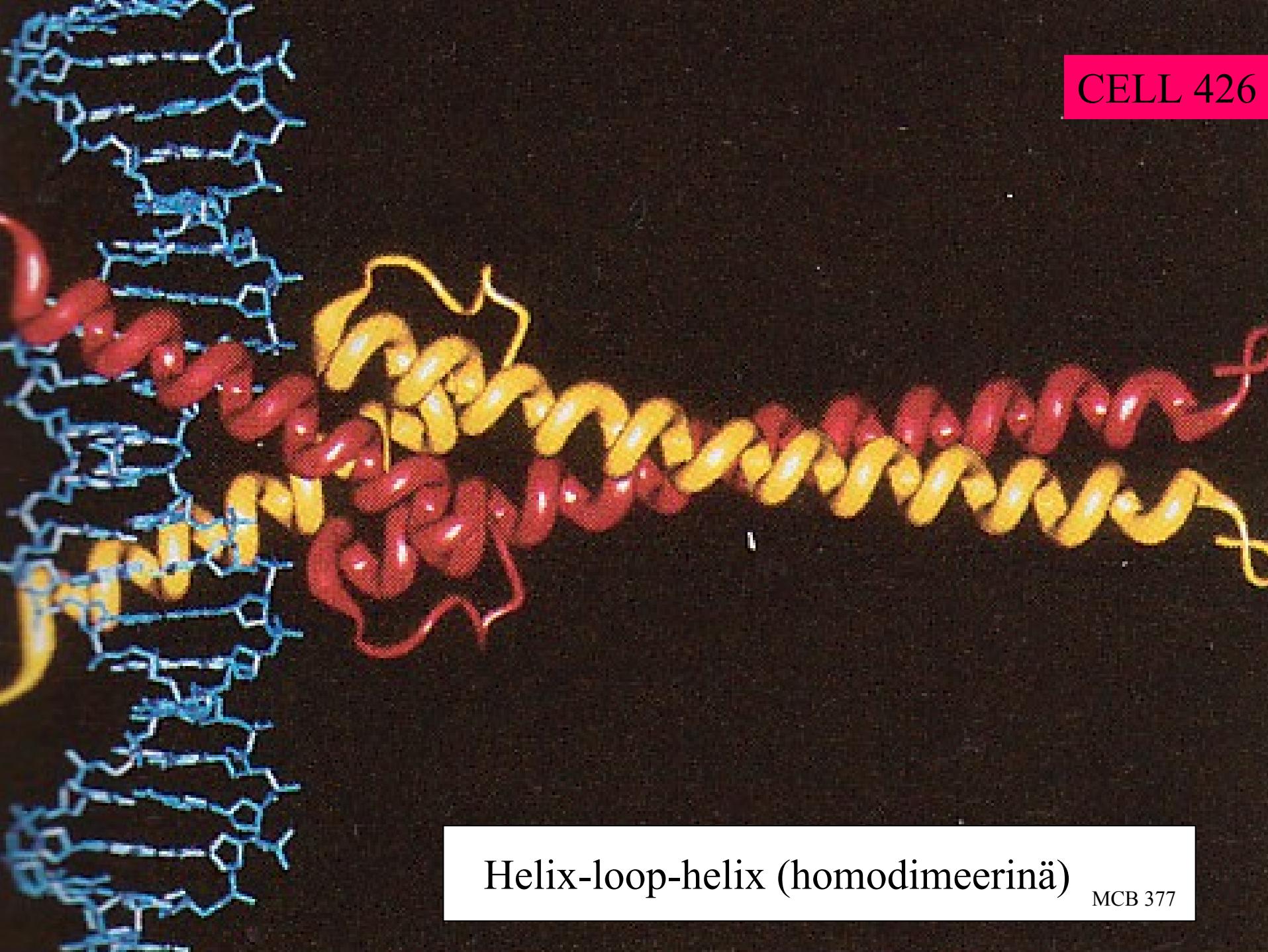


Figure 7-20 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

Homo- tai heterodimeerejä, tunnistussekvenssit sinisiä tai punaisia



Leusiinivetoketju (leucine zipper) homodimeeri



Helix-loop-helix (homodimerinä)

MCB 377

helix-loop-helix

CELL 426

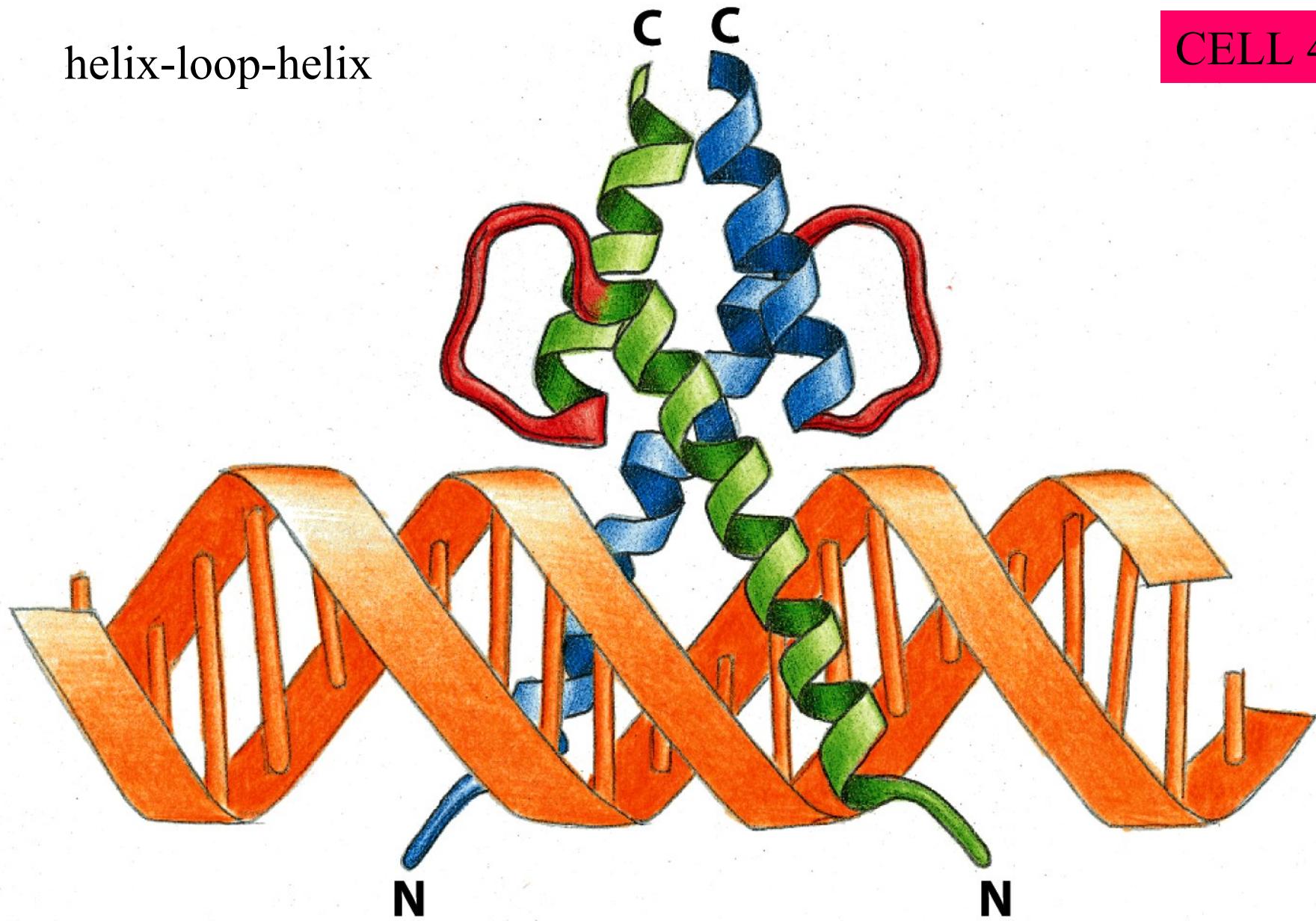
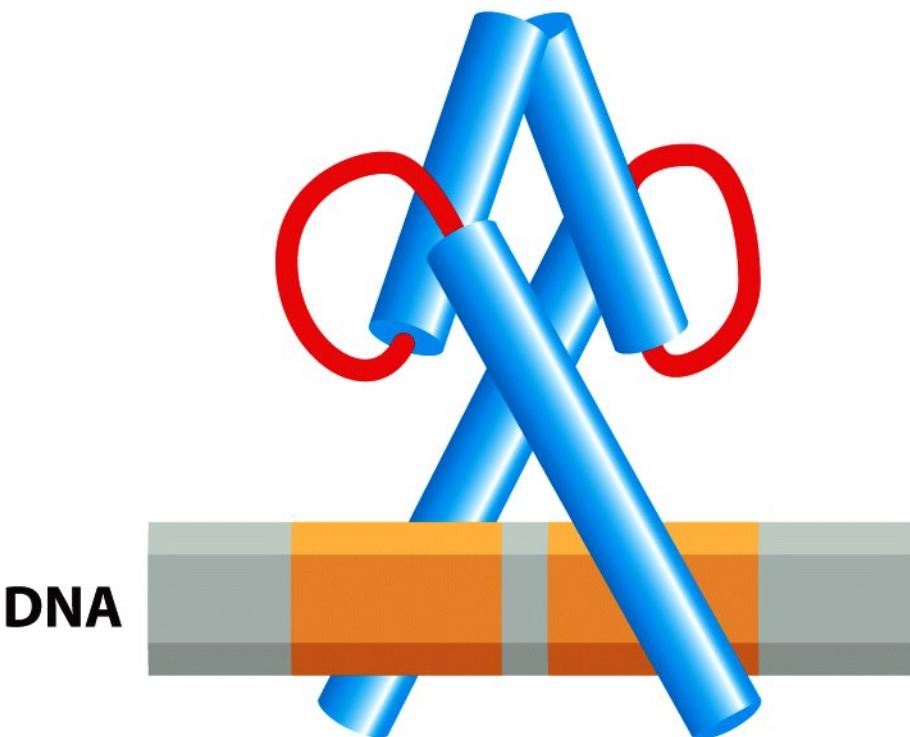
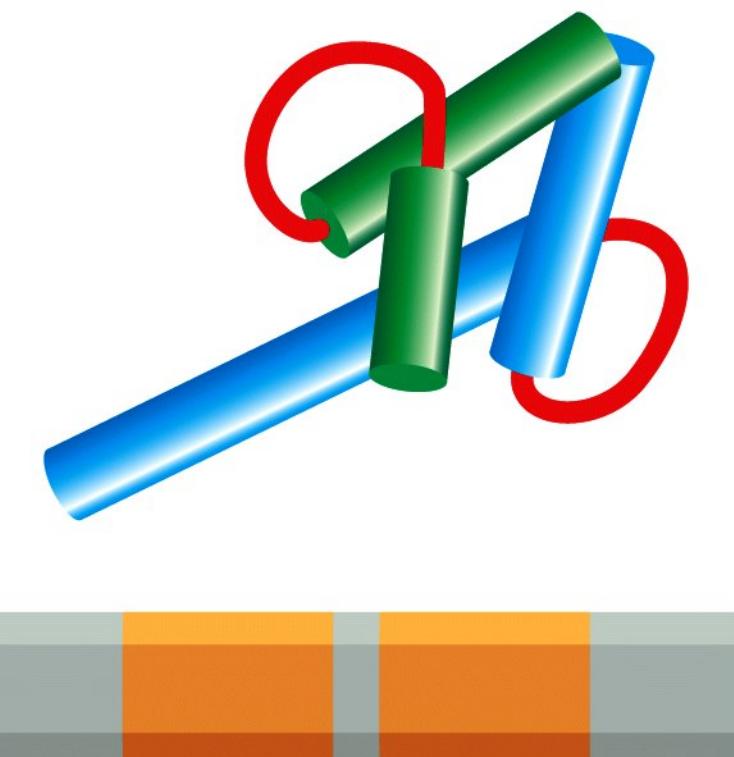


Figure 7-23 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

active HLH homodimer



inactive HLH heterodimer



DNA

Figure 7-24 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

helix-loop-helix: dimeeri ei toimi, jos toinen komponentti on viallinen, esim liian lyhyt

CELL 426

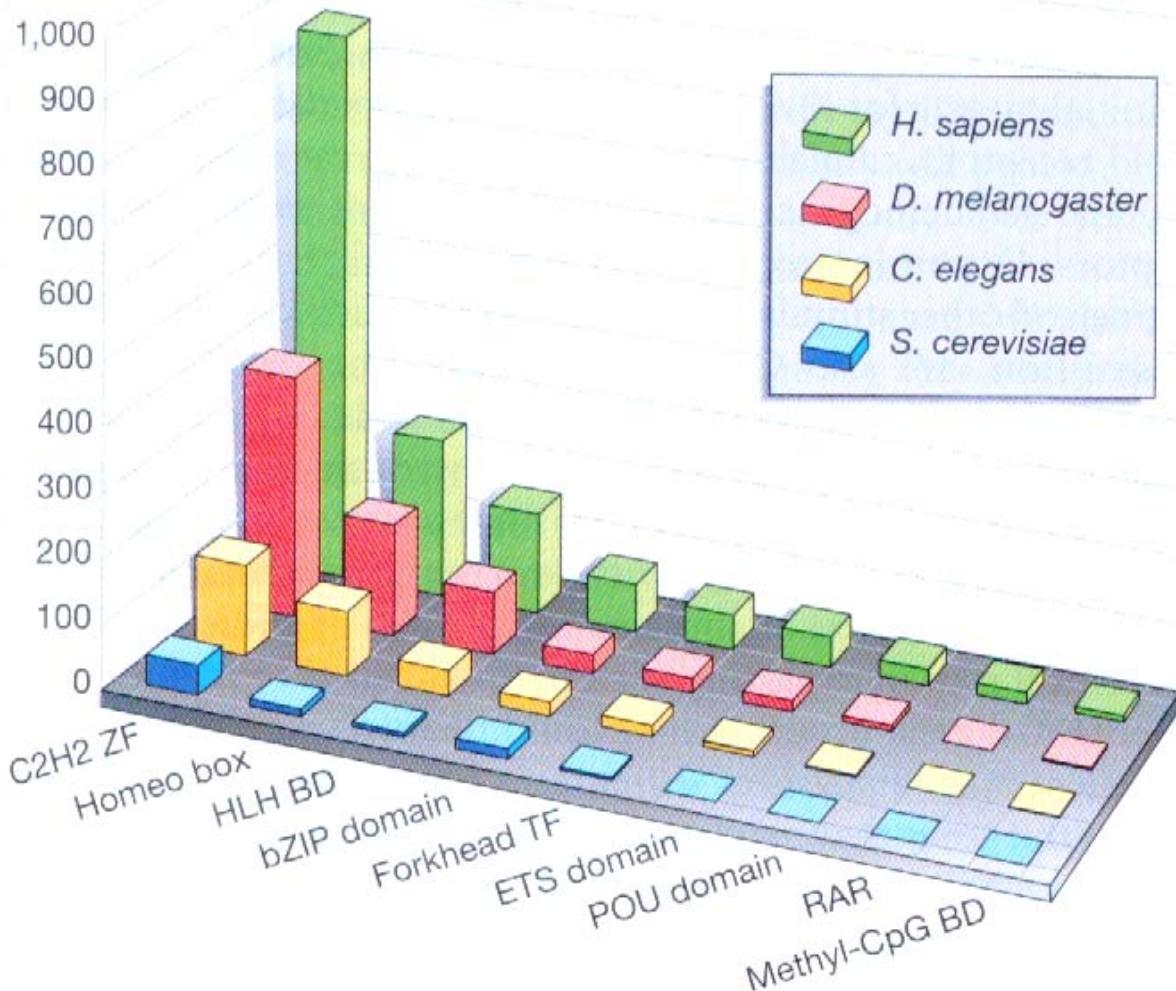


Figure 1 Genome-wide comparison of transcriptional activator families in eukaryotes. The relative sizes of transcriptional activator families among *Homo sapiens*, *D. melanogaster*, *C. elegans* and *S. cerevisiae* are indicated, derived from an analysis of eukaryotic proteomes using the INTERPRO database, which incorporates Pfam, PRINTS and Prosite. The transcription factors families shown are the largest of their category out of the 1,502 human protein families listed by the IPI.

Homeoboksin sisältävät geenit ovat sinkkisormien jälkeen yleisimmät transkription säätelijät kaikilla eläimillä

regulaatio3 >>>

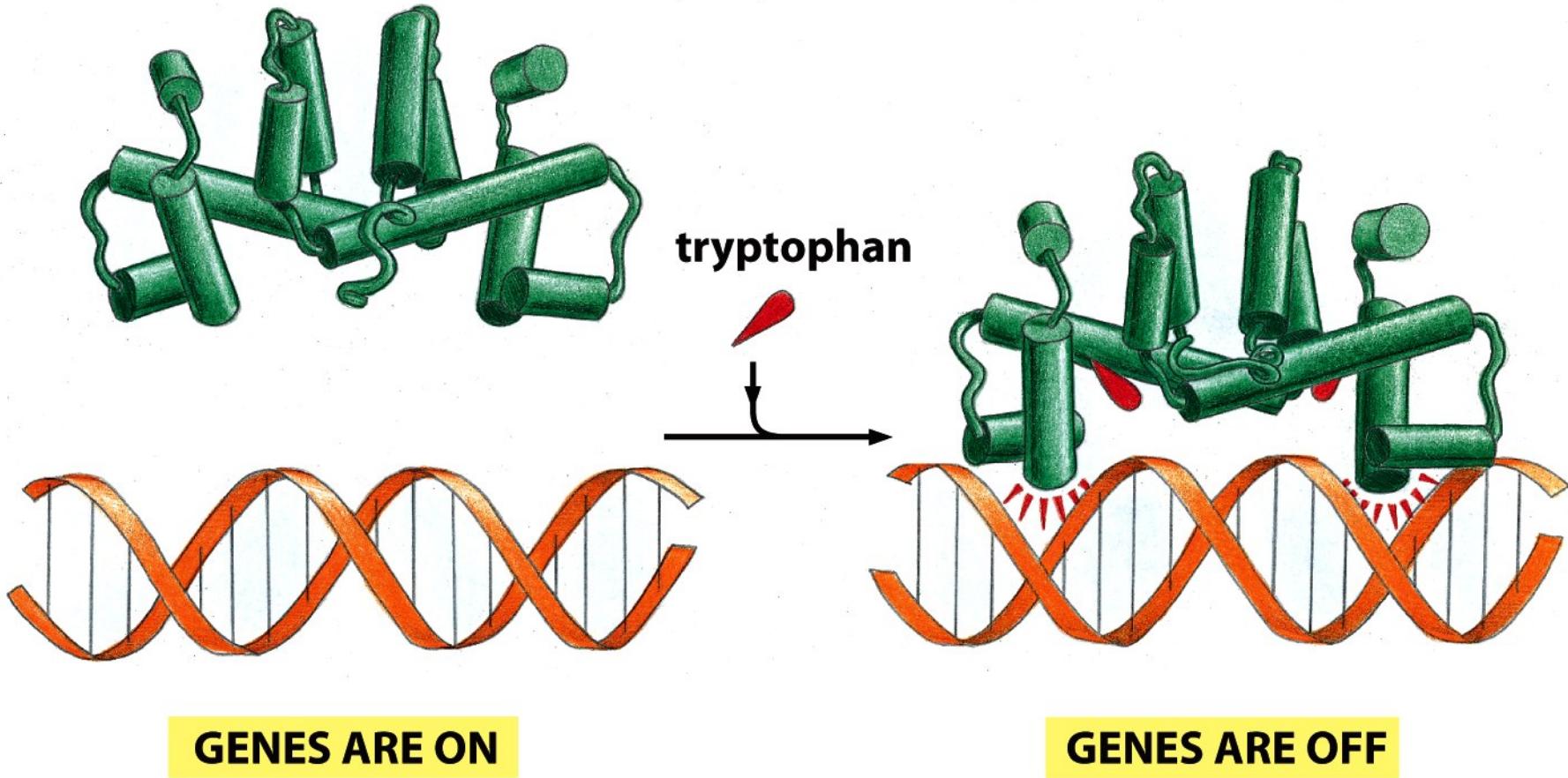


Figure 7-36 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

Homeoboksit

toiseksi yleisin luokka
meillä ihmisiä;

niistä lisää
kehitysgenetiikan
puolella

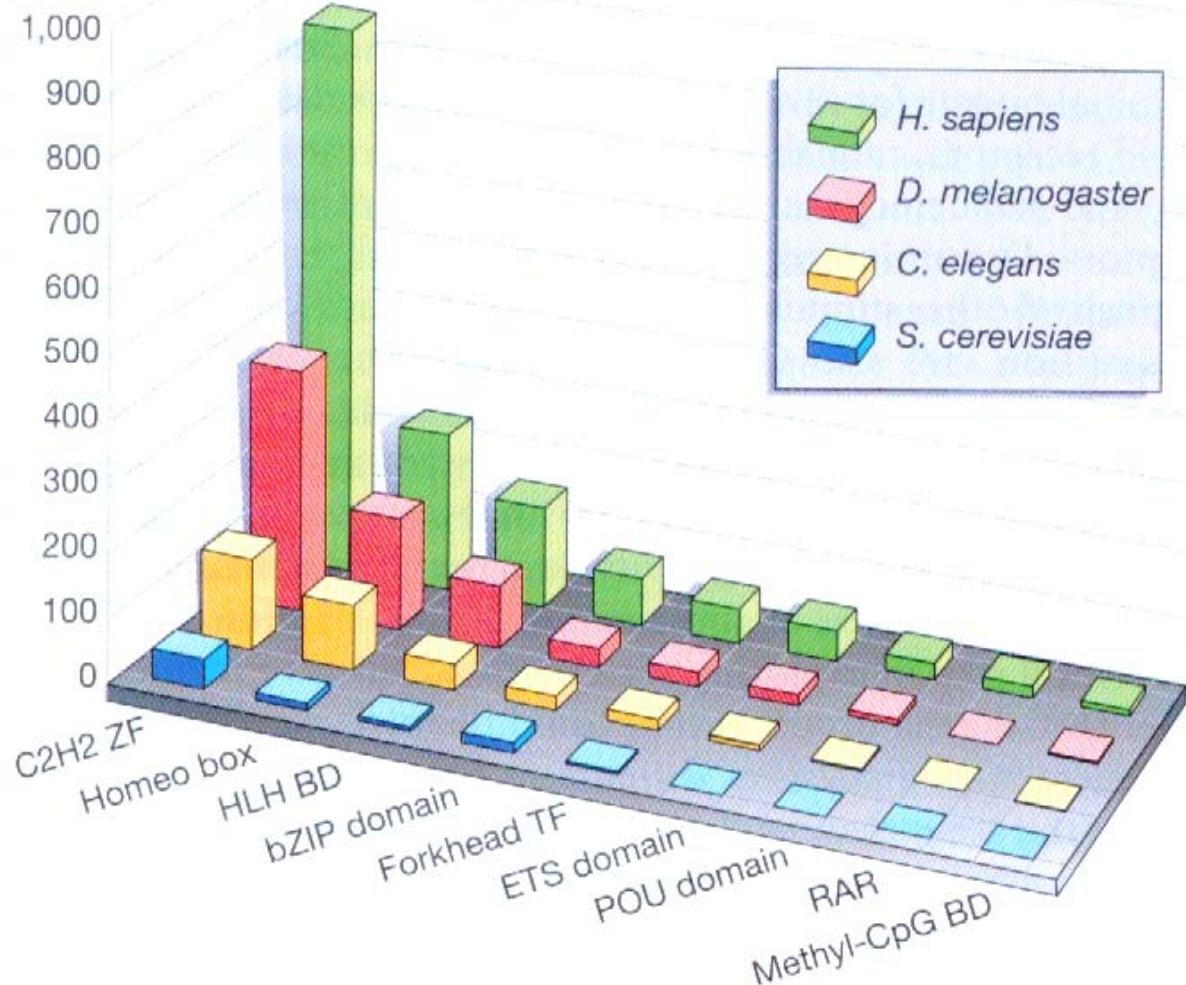


Figure 1 Genome-wide comparison of transcriptional activator families in eukaryotes. The relative sizes of transcriptional activator families among *Homo sapiens*, *D. melanogaster*, *C. elegans* and *S. cerevisiae* are indicated, derived from an analysis of eukaryotic proteomes using the INTERPRO database, which incorporates Pfam, PRINTS and Prosite. The transcription factors families shown are the largest of their category out of the 1,502 human protein families listed by the IPI.

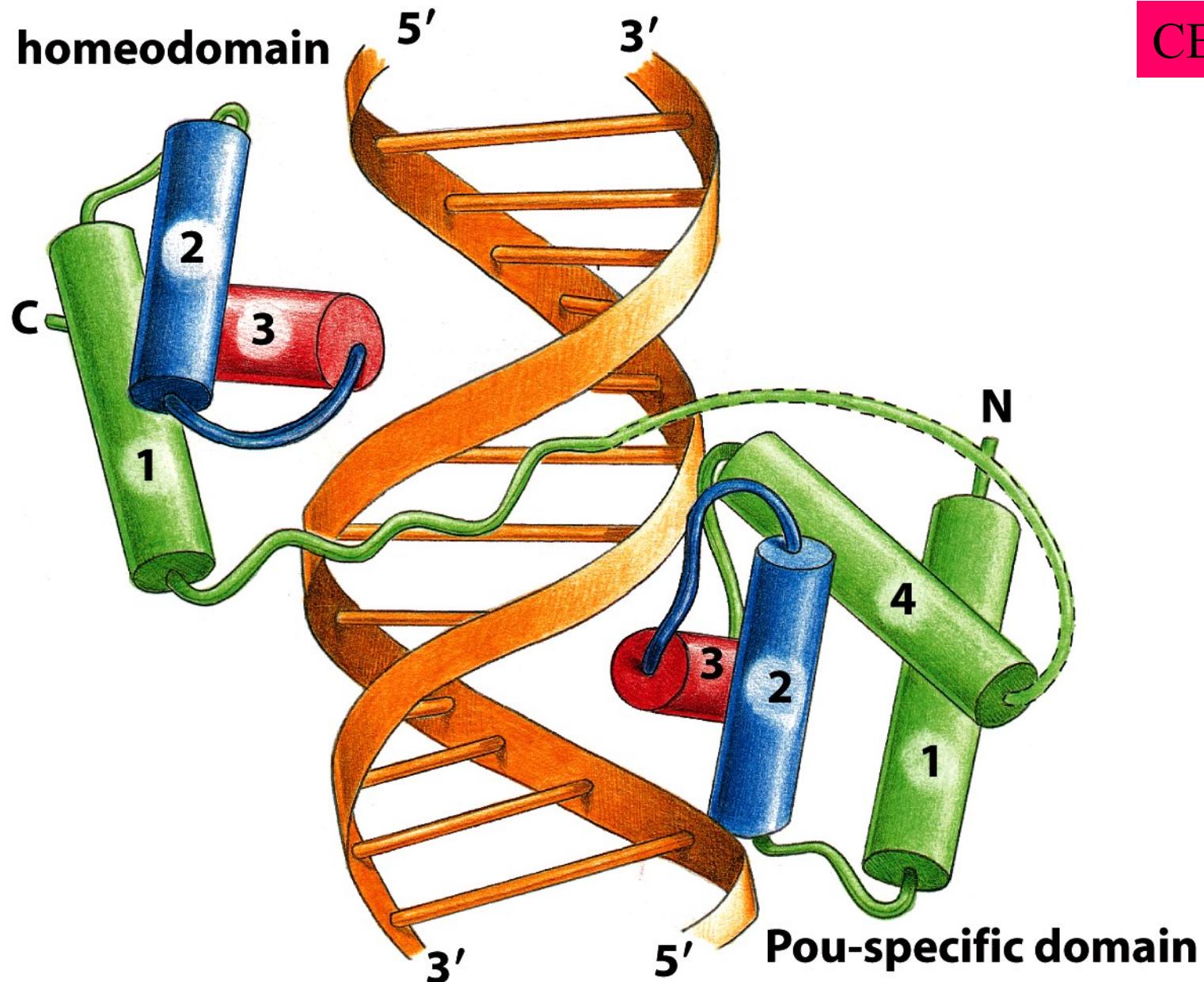


Figure 7-22 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

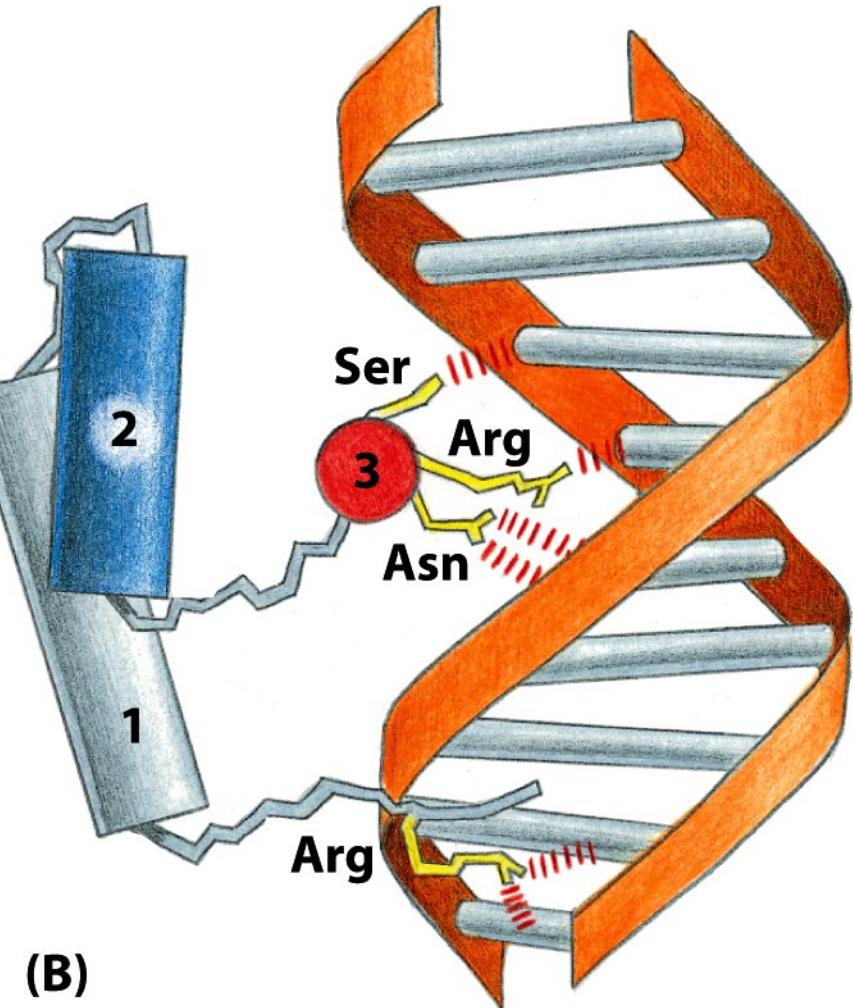
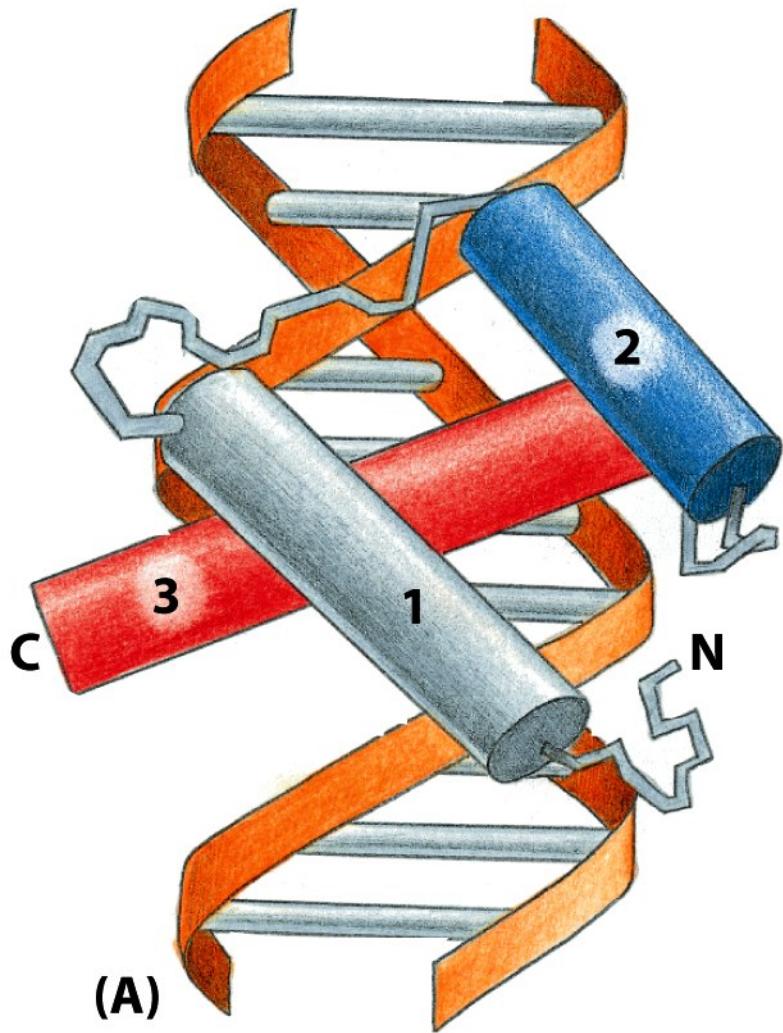


Figure 7-13 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

homeodomain sitoutuu spesifiseen sekvenssiin

CELL 421

CELL 425

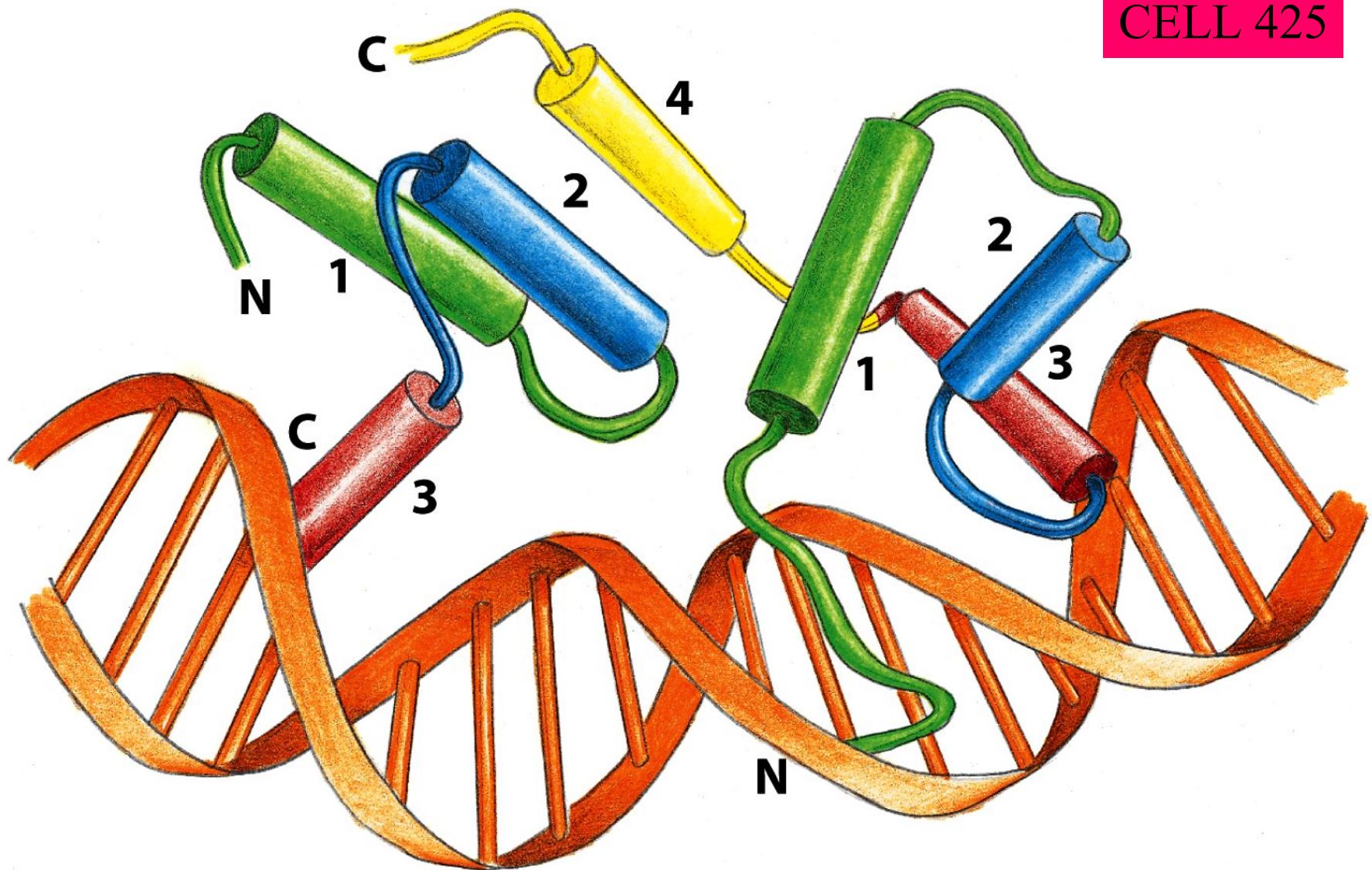


Figure 7-21 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

2 homeodomainia heterodimeerinä

Protein Sequences

Species/Abbrev

1. S. mansoni subfamily MI2a unassigned ...	L	A	L	L	*	G	I	M	L	A	L	V	F	A	L	V	I	I	L								
2. Sm34430 subfamily MI2a peptidase	-	-	-	A	S	L	M	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	V	I	I	L			
3. C. intestinalis similar to transcript...	I	R	A	A	S	L	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	M	V					
4. C. intestinalis irx-c	M	C	V	A	S	L	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V					
5. S. mansoni iroquois homeobox family t ...	F	A	S	A	S	L	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V					
6. S. mansoni iroquois homeobox family t(2)	F	A	S	A	S	L	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V					
7. P. troglodytes IRX1	F	C	R	A	S	L	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	V	E	G				
8. P. troglodytes IRX3	F	C	R	A	S	L	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	M	A					
9. P. troglodytes IRX2	L	C	A	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	M	A				
10. P. troglodytes IRX5	M	C	V	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V				
11. P. troglodytes IRX6	L	C	A	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V				
12. G. gorilla IRX6	L	C	A	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	M	A				
13. P. troglodytes IRX4	M	C	V	A	A	S	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V				
14. S. purpuratus IrxA	G	L	A	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	M	A				
15. B. lanceolatum IrxC	M	G	V	A	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	M	A			
16. O. dioica GSOD1 T00019377001	M	C	V	A	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V			
17. C. floridanus RAG 07994	G	L	A	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V				
18. D. simulans mixed DsimCD14396	L	C	A	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V				
19. Gs 61 contig01315 gene 2 391 aa	G	L	A	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V				
20. contig05263 gene 1 63 aa iroquois	-	-	M	A	A	S	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V				
21. Gs 61 contig07057 gene 2 434 aa	G	L	A	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I				
22. contig05263 gene 1 63 aa iroquois(2)(2)(2)	H	M	M	A	A	S	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	M				
23. Gs 61 contig19629 gene 1 405 aa	G	C	R	A	A	S	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	V				
24. Gs 61 contig09826 gene 1 290 aa	L	M	B	A	S	A	L	A	H	R	Y	G	V	M	A	L	V	F	A	L	S	M	V				
25. Em contig 1659 gene 168 507 aa(2)	A	M	A	A	S	A	A	L	A	H	R	Y	G	N	A	L	V	F	A	L	S	M	A				
26. Em contig 1932 gene 16 437 aa(2)	T	L	V	V	A	A	S	C	L	L	L	Y	G	P	M	A	V	F	A	L	S	M	A				
27. Em contig 4588 gene 32 348 aa(2)	M	S	V	V	A	A	S	C	L	L	L	Y	G	I	M	A	V	F	A	L	S	M	A				
28. Em contig 4623 gene 125 210 aa(2)	H	C	R	R	A	A	S	C	L	L	L	Y	G	I	M	A	V	F	A	L	S	M	A				
29. T. adhaerens CreB-BS-1999 TRIADDRAFT 24265	-	-	A	A	A	S	A	L	A	H	R	Y	G	C	I	M	L	V	F	A	L	S	M	D			
30. N. vectensis CH2 x CH6 NEWMEDRAFT vlg...	-	-	A	A	A	S	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	M	H				
31. N. vectensis IRX-TALE class DQ206288.1	-	-	N	A	A	S	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	M	E				
32. S. purpuratus A3 LOC586106	A	T	V	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	M	H			
33. contig05263 gene 1 63 aa iroquois(2)	-	-	H	M	A	A	S	A	L	A	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
34. P. troglodytes mohawk 2	G	C	V	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
35. P. troglodytes mohawk 2(2)	G	C	V	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
36. H. sapiens MRX	G	C	V	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
37. O. cuniculus LOC100357336	G	C	V	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
38. D. rerio mxxa	G	C	V	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
39. S. purpuratus A3 LOC575445	A	T	V	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
40. S. kowalevskii LOC100368443	R	V	P	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
41. N. vectensis CH2 x CH6 NEWMEDRAFT vlg(2)	R	V	P	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
42. N. vectensis MEIS-TALE class	-	-	C	I	F	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I		
43. S. mansoni Smp 174150 meis	L	R	V	P	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I		
44. M. mulatta 17573 LOC718145	T	R	V	P	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I		
45. C. salai hch2 homothorax 2	T	R	V	P	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I		
46. contig20981 gene 2 847 aa	T	R	V	P	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I		
47. contig25666 gene 2 594 aa	T	R	V	P	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I		
48. Em contig 1789 gene 84 346 aa	T	R	V	P	R	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I		
49. S. mansoni homeobox protein-Smp 154790	V	C	R	V	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	C	A	H	N	Y			
50. S. purpuratus A3 LOC591795	T	C	R	V	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
51. M. brevicollis MX1 SAW760 Mb hbz2	T	C	R	V	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
52. S. mediterranea AAA-1 PRPF homeodomain...	T	C	R	V	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
53. S. mansoni homeobox protein knotted-1...	T	C	R	V	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
54. contig18422 gene 1 793 aa	T	C	R	V	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
55. Em contig 2680 gene 21 392 aa	T	C	R	V	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
56. A. lyrata ALYDRAFT 481709 lyhennetty ...	T	C	R	V	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
57. D. japonica six-2 protein	T	C	R	V	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
58. Em contig 4610 gene 234 113 aa(2)	T	C	R	V	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	A	L	S	H	I			
59. S. mansoni irx-related+Smp 063520	T	C	R	V	A	A	S	M	A	L	H	R	Y	G	I	M	L	V	F	C	T	F	G	V	L		

iroquois-homeodomains

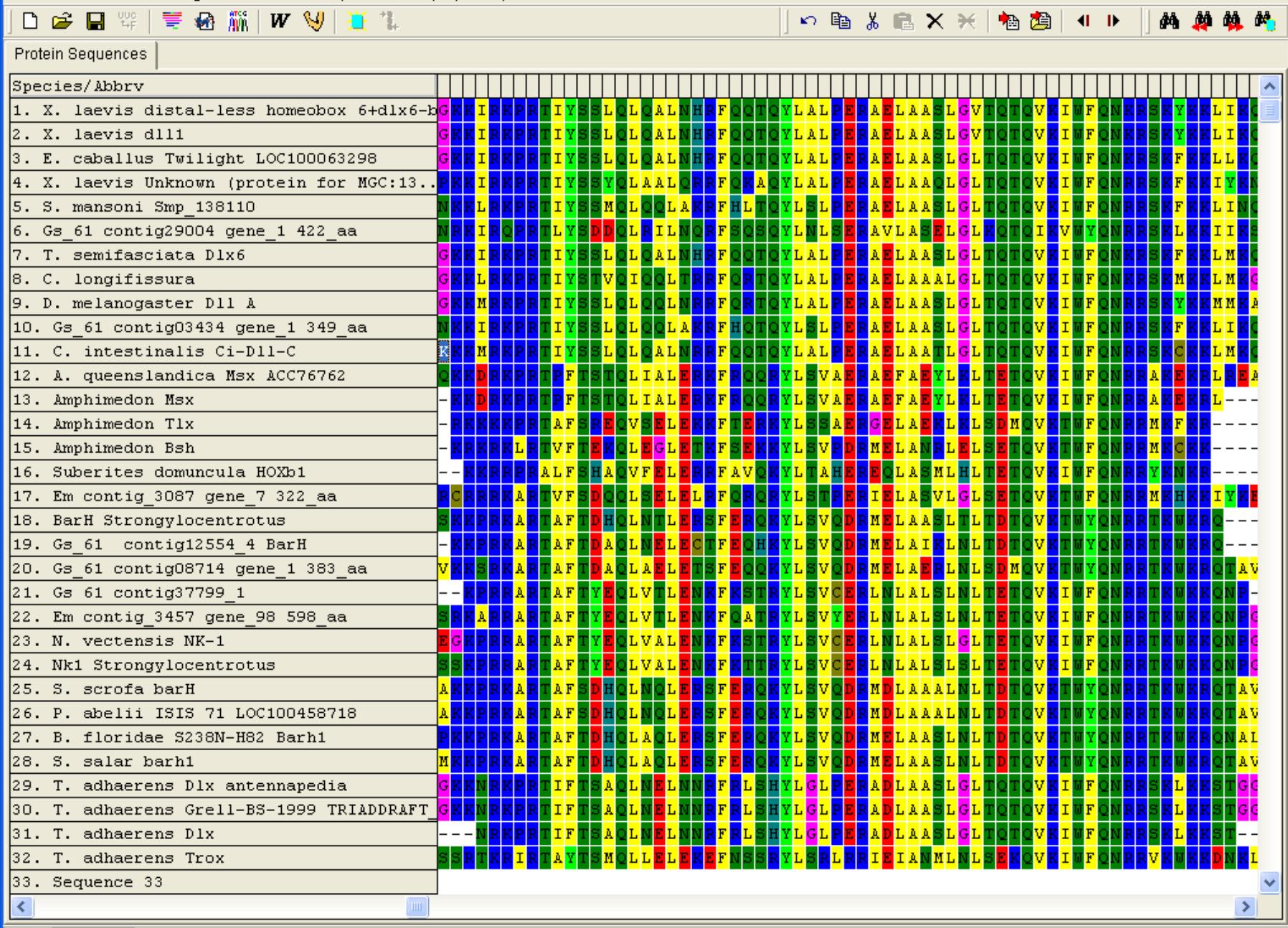
mohawk

homothorax

knotted

M M5: Alignment Explorer (distalless.mas)

Data Edit Search Alignment Web Sequencer Display Help



M5: Alignment Explorer (sine oculis six & hom.mas)



Data Edit Search Alignment Web Sequencer Display Help



Protein Sequences

Site # 313

sine oculis = ej silmäää

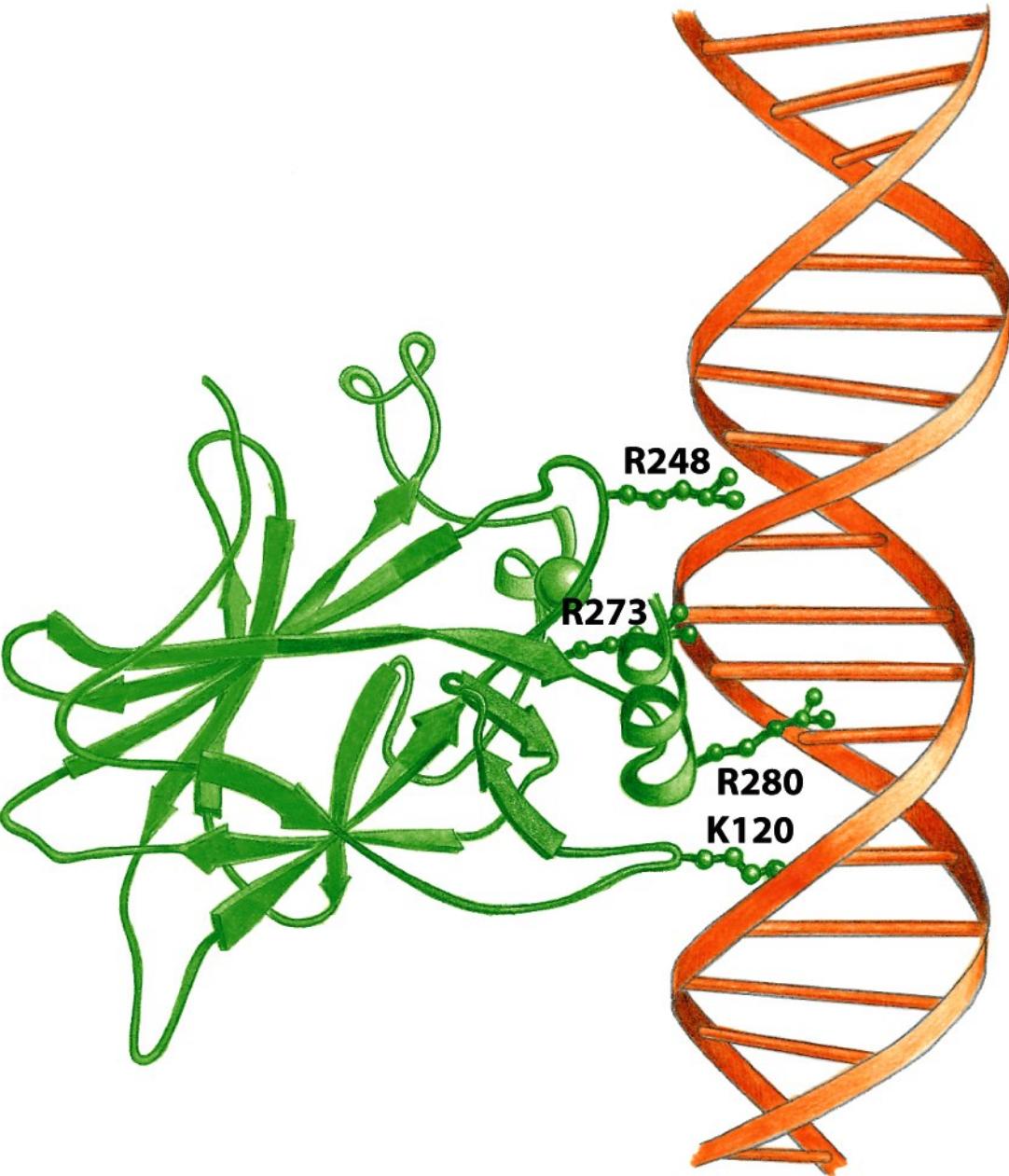
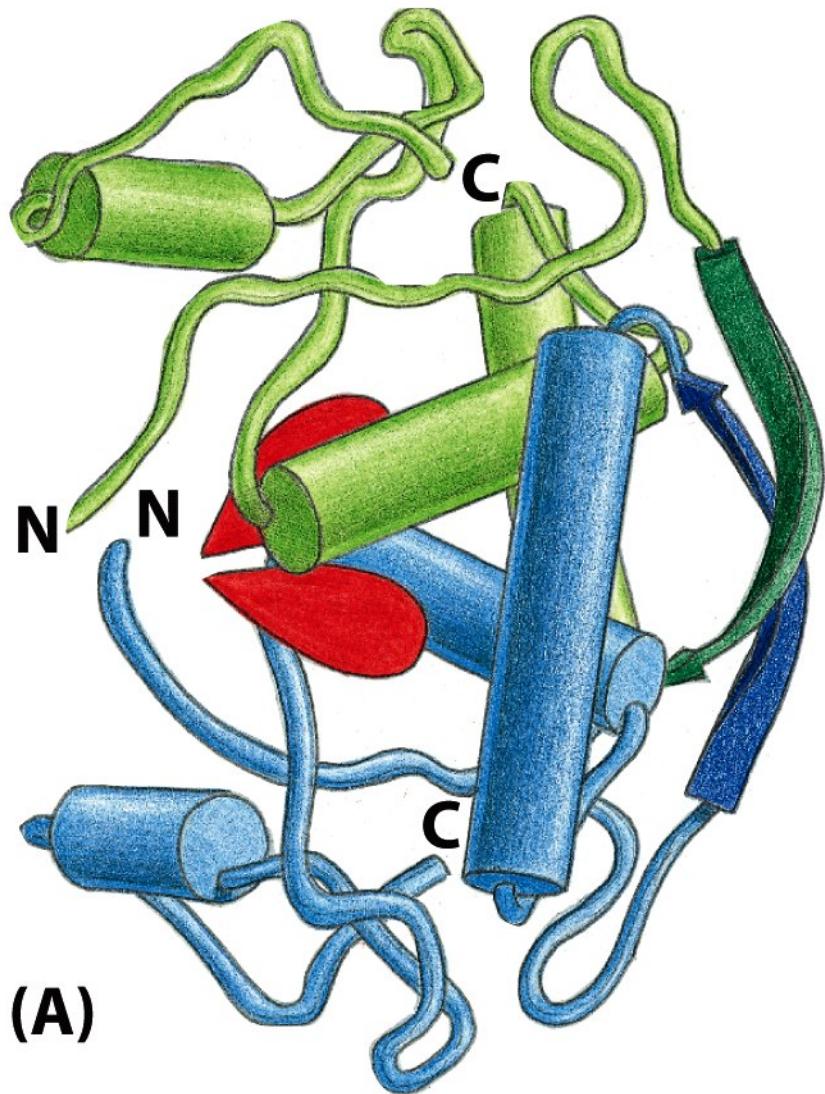


Figure 7-18 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

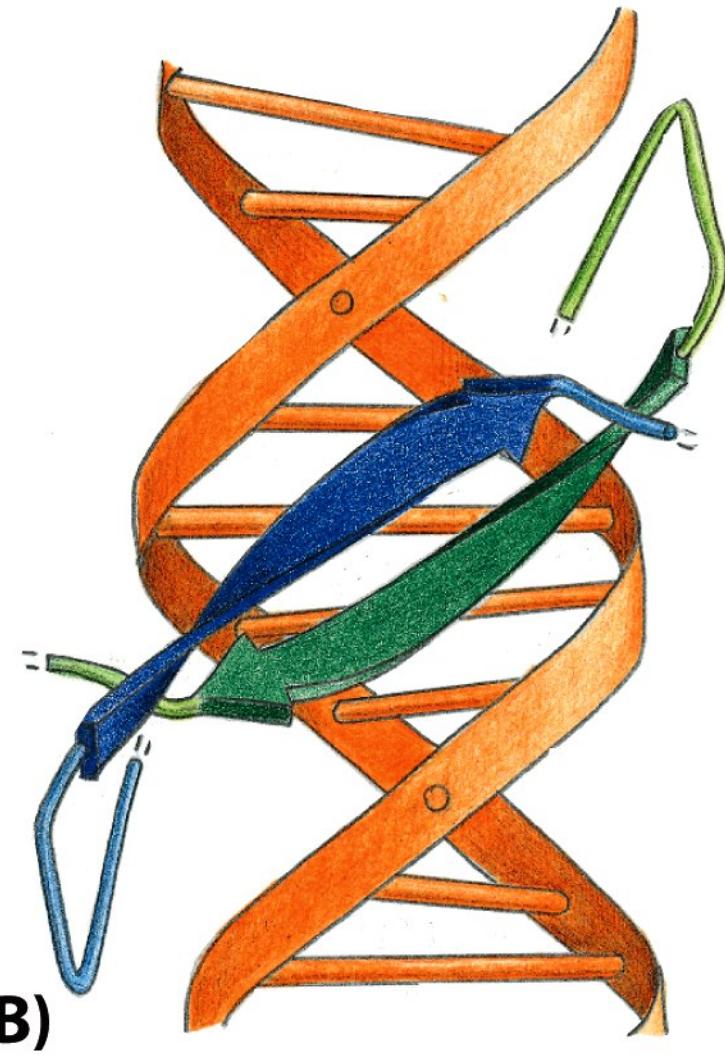
Tärkein solusykklin
jarru ja tarkastaja
p53 on sekin
transkriptiofaktori

GGGCAAGTCT
CCCGTTCAGA

CELL 424, 418



(A)



(B)

Figure 7-17 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

CELL 423

Bakteerin Met repressori (S-adenosyylimetioniini ligandina)

Table 7–1 Some Gene Regulatory Proteins and the DNA Sequences That They Recognize

NAME		DNA SEQUENCE RECOGNIZED*
Bacteria	Lac repressor	5' AATTGTGAGCGGATAACAATT 3' TTAACACTCGCCTATTGTTAA
	CAP	TGTGAGTTAGCTCACT ACACTCAATCGAGTGA
	Lambda repressor	TATCACCGCCAGAGGT ATAGTGGCGGTCTCCAT
Yeast	Gal4	CGGAGGACTGTCCTCCG GCCTCCTGACAGGAGGC
	Mat α 2	CATGTAATT GTACATTAA
	Gcn4	ATGACTCAT TACTGAGTA
<i>Drosophila</i>	Kruppel	AACGGGTTAA TTGCCCAATT
	Bicoid	GGGATTAGA CCCTAACATCT
Mammals	Sp1	GGGCGG CCCGCC
	Oct1 Pou domain	ATGCAAAT TACGTTTA
	GATA1	TGATAG ACTATC
	MyoD	CAAATG GTTTAC
	p53	GGGCAAGTCT CCCGTTCAAGA

*For convenience, only one recognition sequence, rather than a consensus sequence (see Figure 6–12), is given for each protein.



Figure 3 Characteristics of the promoter regions. Features including oligopyrimidine tracts (green), TATA boxes (pink), TATA-like sequences (yellow), and possible binding sites for Ets proteins (blue) are indicated. Arrowheads represent the position of the transcription start site. Upper- and lowercase letters denote exon and intron sequences, respectively.

Ihmisen ribosomiproteiinien promoottorit.
Kaikkia pitää tuottaa samanaikaisesti, kaikissa soluissa

Genome Research, March 2002

www.genome.org

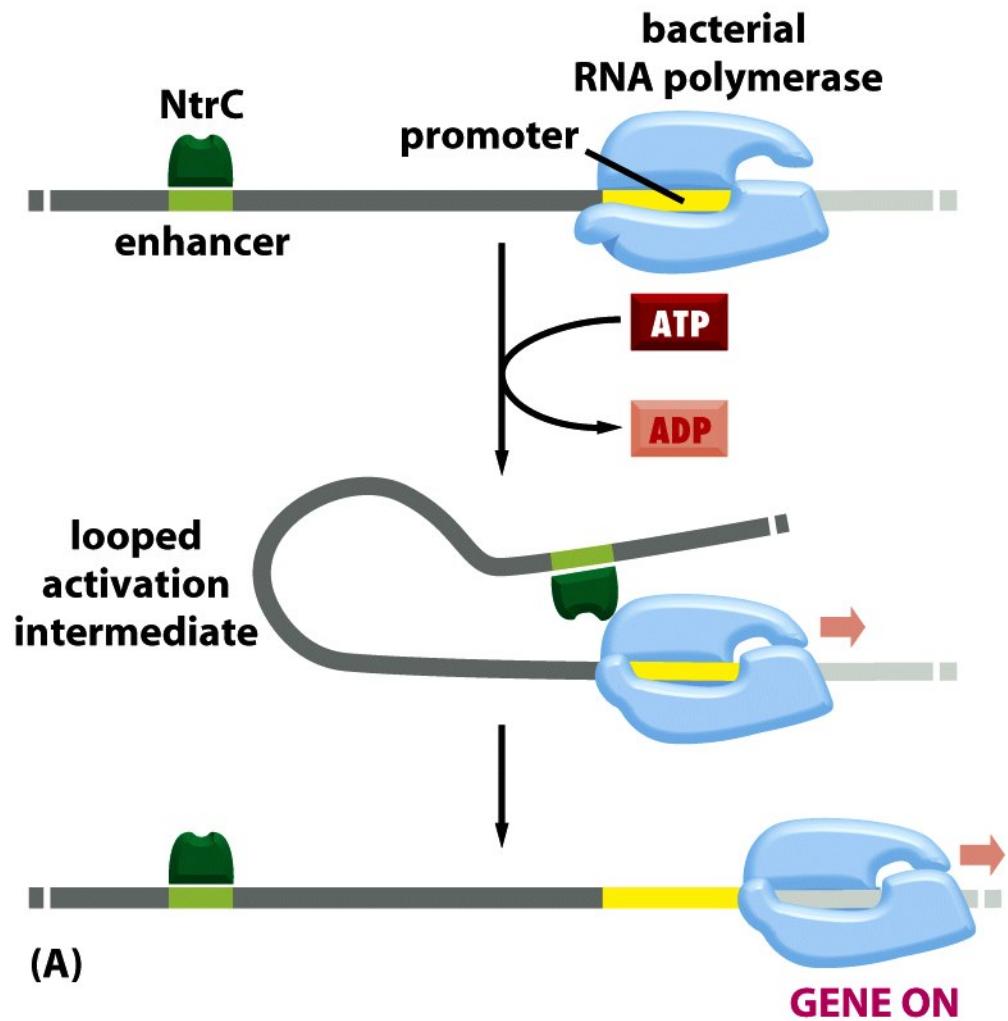
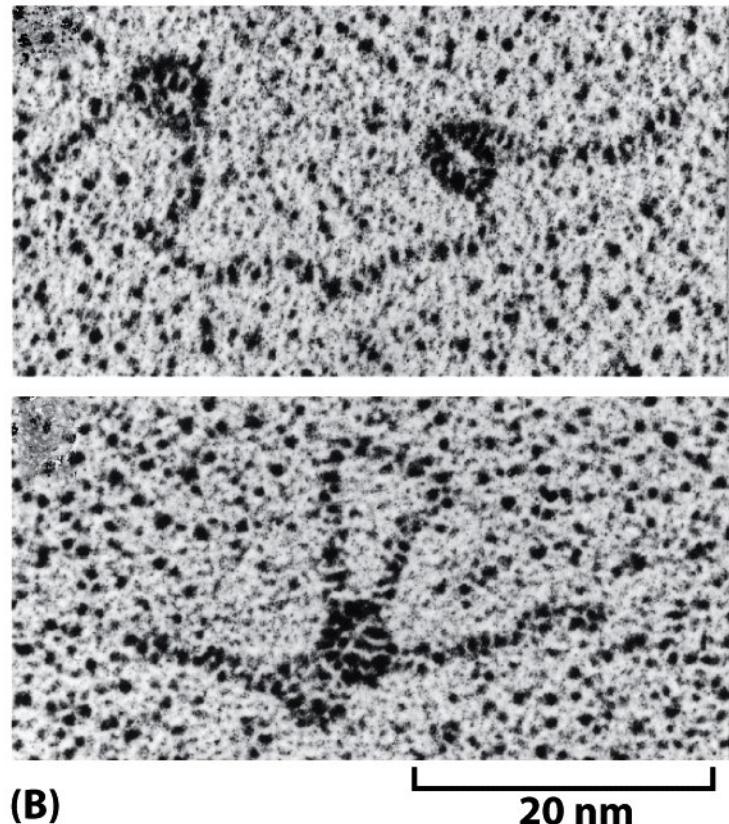


Figure 7-42 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)



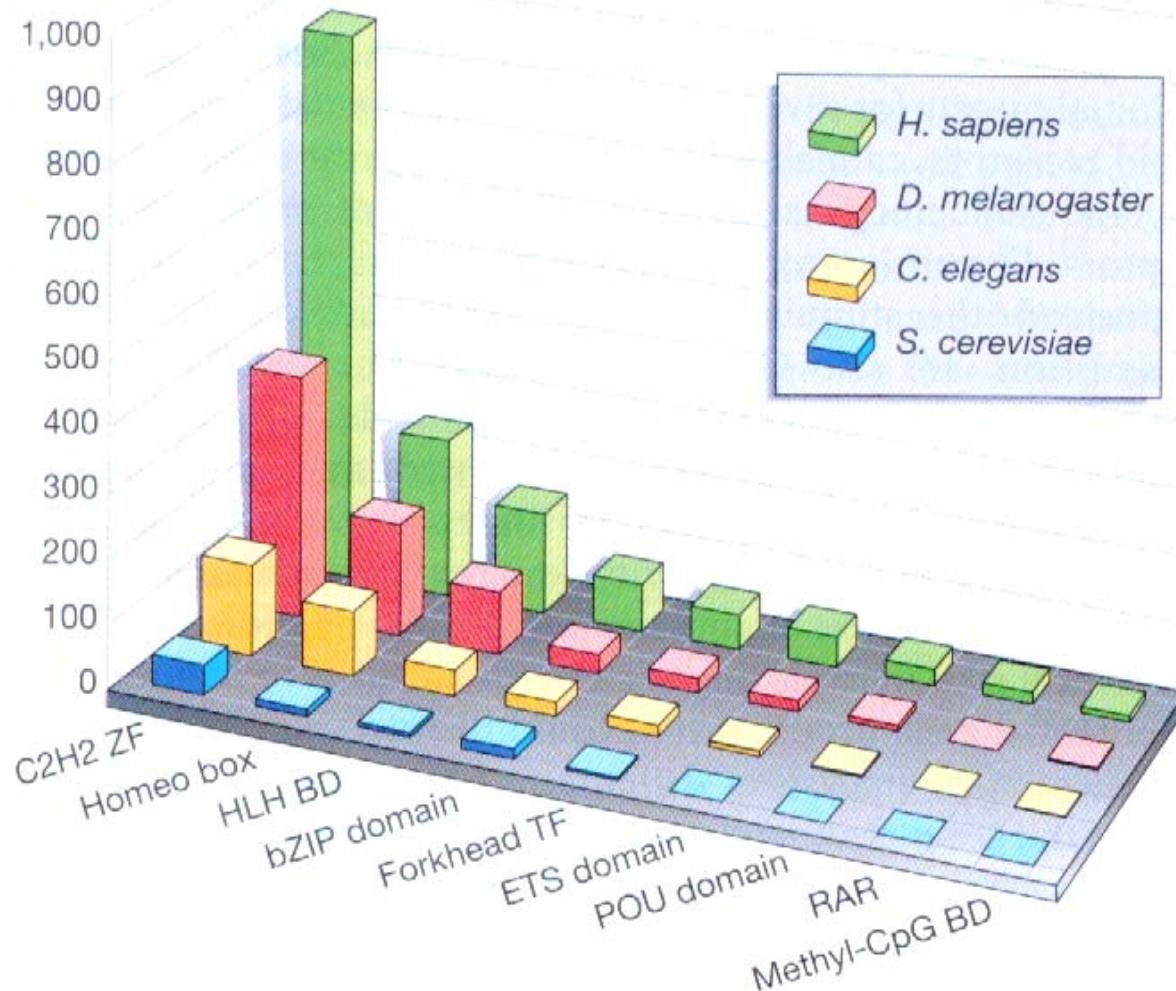


Figure 1 Genome-wide comparison of transcriptional activator families in eukaryotes. The relative sizes of transcriptional activator families among *Homo sapiens*, *D. melanogaster*, *C. elegans* and *S. cerevisiae* are indicated, derived from an analysis of eukaryotic proteomes using the INTERPRO database, which incorporates Pfam, PRINTS and Prosite. The transcription factors families shown are the largest of their category out of the 1,502 human protein families listed by the IPI.

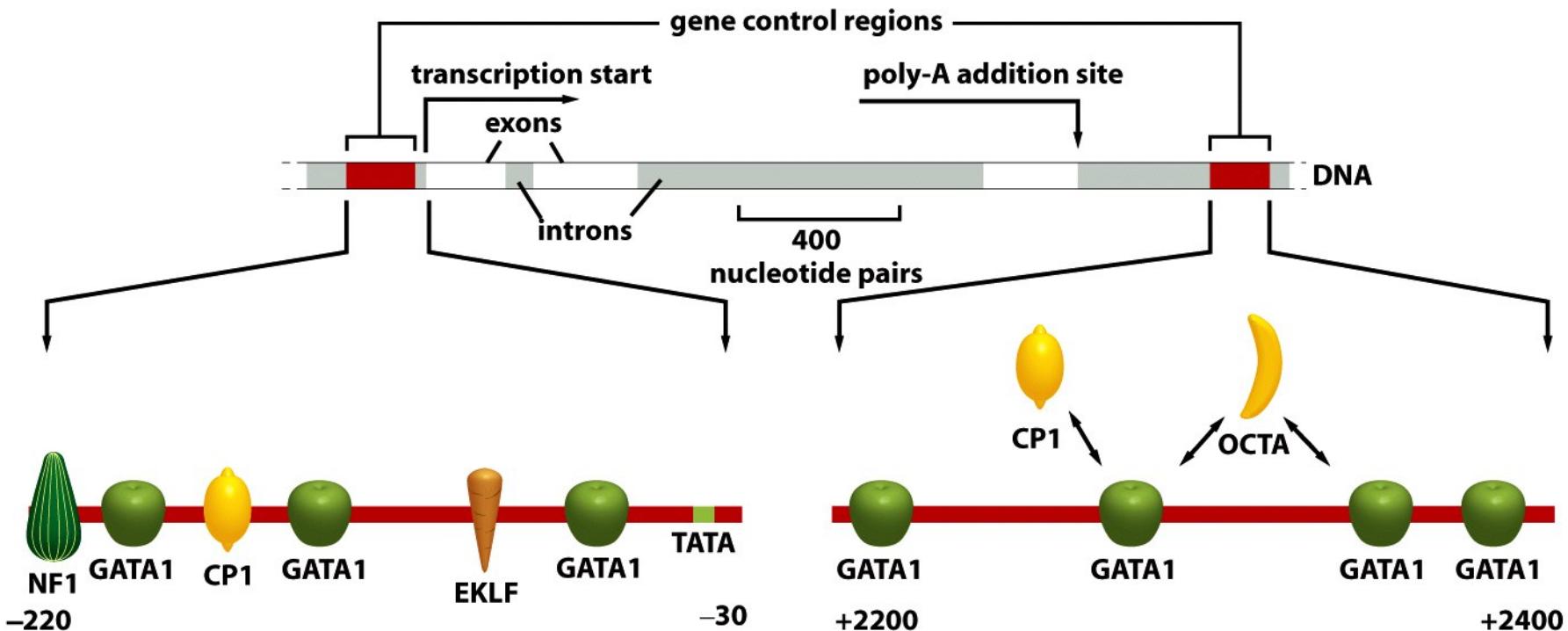


Figure 7-60 Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

Ihmisen beta-globiinigeenin säätelyn malli. *Sitruunat ja omenat ja banaanikin* kilpailevat paikoista, toiset estävät ja toiset edistävät polymeraasin toimintaa.

kombinatorinen säätely

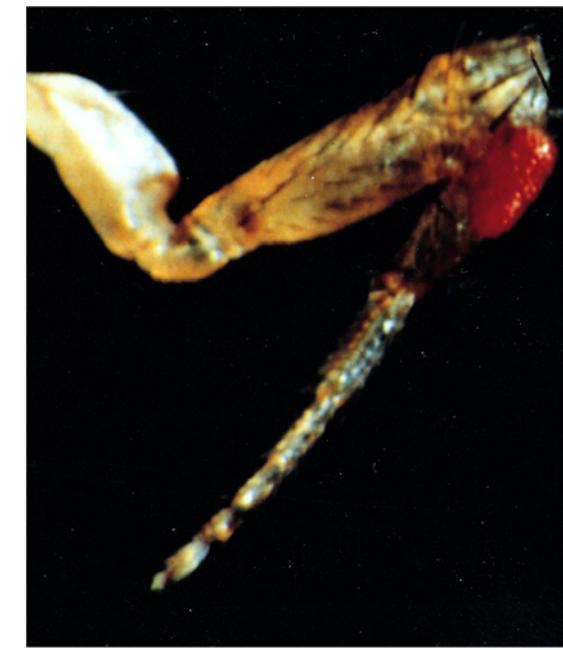
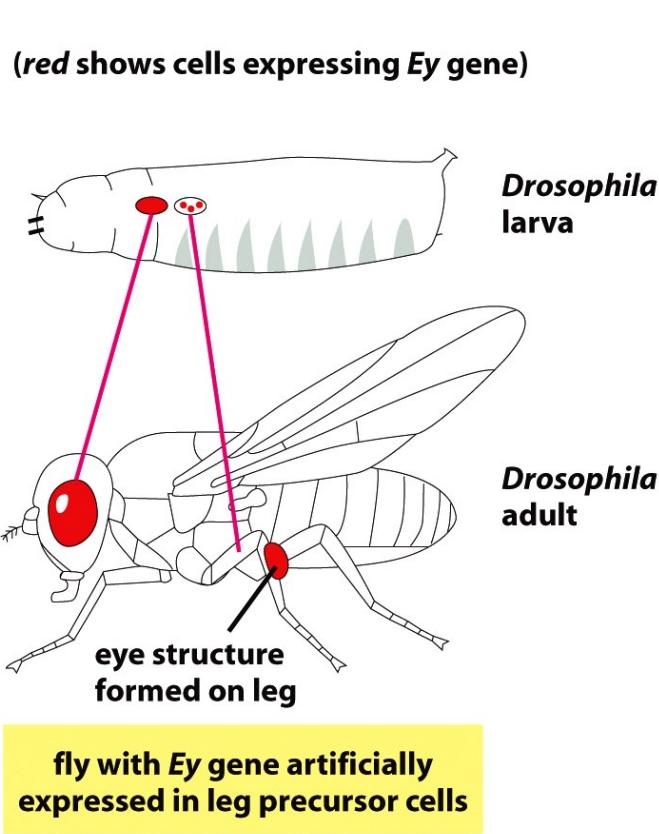
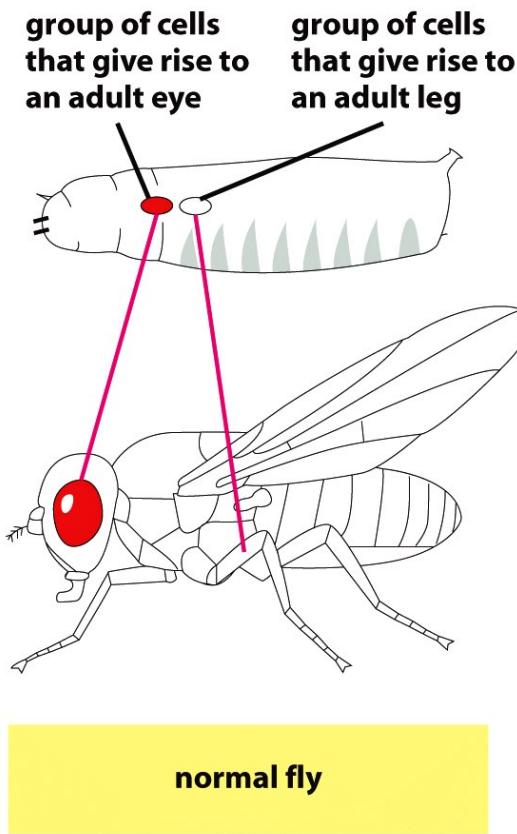


Figure 7-77b Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

Figure 7-77a Molecular Biology of the Cell 5/e (© Garland Science 2008)

pax6 (*Ey*) indusoi silmän mihin tahansa, jos se aktivoituu

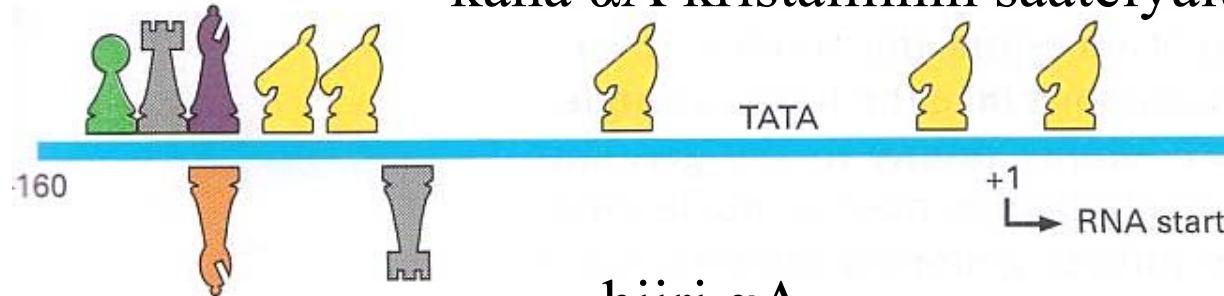
Vieläpä minkä tahansa silmän: etanalle etanan silmän, mustekalalle linssillisen.

kana α A kristalliinin säätelyalue

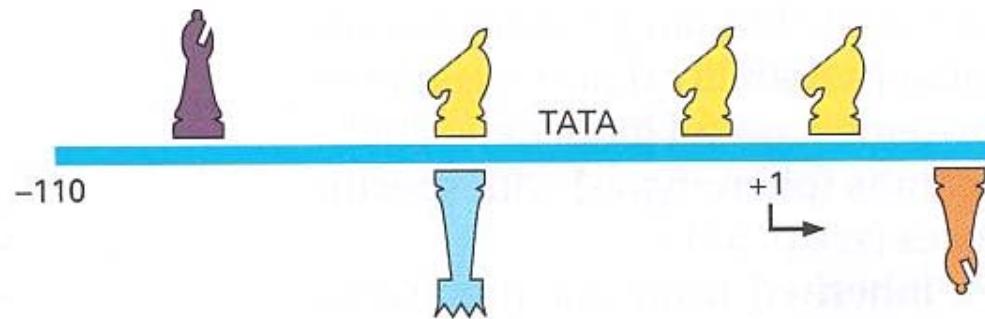
Silmän linssin *kristalliini*-geenien säätelyalueet hiirellä ja kanalla

Monet proteiinit soveltuvat silmän linssin rakennusaineeksi. Oleellista on, että niitä tuotetaan juuri siellä. Alpha-kristalliini (kaksi ylintä) löytyy kaikilta selkärangkaisilta, mutta alin on ihan erilainen proteiini, jota on lintujen ja matelijoiden linssissä

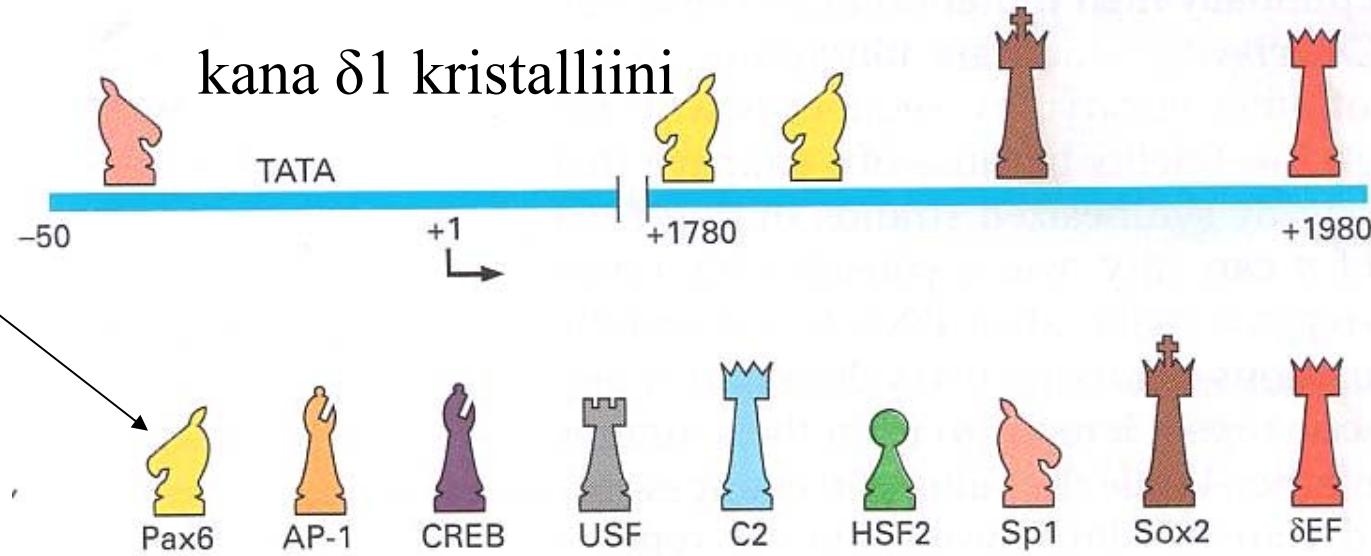
Pax6 on erikoisen keskeinen säätelygeeni, jonka väärä-aikainen toiminta saa aikaan vaikka silmän *Drosophilan* jalkaan (**CELL 466**)



hiiri α A



kana δ 1 kristalliini



CELL 466