Regolazione Genica

Procarioti

- **Trascrizione e Traduzione accoppiate**
  - Operone
    - La topologia del DNA può influenzare l'accesso all'operone e regolare l'espressione dei geni contenuti all'interno.
    - Sequenze specifiche come il Shine-Dalgarno possono modulare il legame del ribosoma e l'inizio della traduzione per ciascun gene dell'operone.
    - Eventi di ricombinazione genetica possono causare variazioni nella struttura operon-specifica, influenzando così la regolazione dell'operone.
    - Elementi cis-regolatori distanti possono interagire con l'operone, regolandone l'espressione in risposta a segnali cellulari specifici.
    - Gli elementi di integrazione e scambio genico svolgono un ruolo chiave nella variazione della struttura operon e nell'evoluzione dei percorsi metabolici nei procarioti.
  - Operatore
    - Le modificazioni epigenetiche come la metilazione del DNA possono influenzare l'attività dell'operatore, regolando l'accesso dei fattori di trascrizione ai siti di legame.
    - Le interazioni con proteine accessorie, come i fattori di trascrizione, possono modulare l'attività dell'operatore, regolando così l'espressione dei geni dell'operone.
    - La cooperatività tra operatori multipli può regolare l'espressione genica coordinata all'interno dell'operone.
    - La topologia del DNA può influenzare l'interazione tra l'operatore e il repressore, regolando così l'attività dell'operone.
  - Repressore
    - I meccanismi di modulazione dell'affinità di legame al DNA possono regolare l'attività del repressore in risposta a segnali ambientali specifici, come la presenza di ligandi.
    - La localizzazione sub-cellulare del repressore può influenzare il controllo della trascrizione regolando l'accesso al DNA.
    - Le proteine accessorie possono modulare l'attività del repressore, fornendo un ulteriore livello di regolazione dell'espressione genica.
    - Gli effetti allosterici possono regolare l'affinità di legame del repressore al DNA, modulando così la sua attività repressiva.
  - Attivatore
    - Gli effettori secondari, come i segnali molecolari, possono modulare l'attività dell'attivatore attraverso meccanismi allosterici.
    - Le proteine accessorie specifiche al sito attivatore, come i co-attivatori, possono regolare l'attività dell'attivatore, potenziando così la trascrizione.
    - La cooperatività tra attivatori multipli può coordinare l'espressione genica di diversi geni all'interno dell'operone.
    - La topologia del DNA può influenzare l'interazione tra l'attivatore e il promotore, regolando così l'attività dell'operone.

Eucarioti

- **Trascrizione**
  - Promotore
    - Oltre alle sequenze di base necessarie per l'inizio della trascrizione, il promotore può contenere elementi regolatori aggiuntivi. Questi elementi, chiamati siti di legame per proteine regolatorie specifiche (TFBS), sono cruciali per la regolazione fine della trascrizione.
    - Durante la trascrizione, il complesso di mediatori agisce come un ponte tra i fattori di trascrizione e l'RNA polimerasi II, facilitando così l'attivazione o la repressione della trascrizione.
    - La metilazione del DNA nei siti regolatori del promotore può influenzare significativamente l'accessibilità dei fattori di trascrizione e, di conseguenza, la trascrizione stessa.
    - Gli insulatori sono sequenze di DNA che svolgono un ruolo chiave nella creazione di domini di cromatina indipendenti, impedendo l'interferenza tra enhancer e silencer localizzati nelle vicinanze.
    - La regolazione epigenetica del promotore, tramite modificazioni degli istoni e della cromatina, è fondamentale per controllare l'accesso al DNA e la disponibilità dei siti regolatori per i fattori di trascrizione.
- **RNA messaggero (mRNA)**
  - Processamento
    - Durante il processo di splicing, complessi di snRNPs come il complesso spliceosoma rimuovono gli introni e legano gli esoni per formare un mRNA maturo pronto per la traduzione.
    - I marcatori epigenetici, come le modificazioni degli istoni, possono influenzare la selezione degli esoni e il processo di splicing alternativo, aggiungendo un ulteriore livello di regolazione alla generazione di mRNA diversificati.
    - La localizzazione sub-cellulare dei complessi di splicing può influenzare la composizione dell'mRNA e, di conseguenza, la sua funzione biologica.
    - Gli RNA-binding proteins svolgono un ruolo cruciale nella regolazione della stabilità dell'mRNA e nella formazione di complessi di degradazione che influenzano l'espressione genica.
- **Traduzione**
  - Ribosomi
    - Le proteine associate come i fattori di inizio e di allungamento hanno un impatto significativo sulla velocità di traduzione e sulla corretta formazione dei complessi di traduzione.
    - La localizzazione sub-cellulare dei ribosomi può influenzare la loro disponibilità e, di conseguenza, il tasso di traduzione di specifici mRNA.
    - Le modificazioni post-traslazionali dei ribosomi stessi possono regolare la loro attività di traduzione e influenzare la formazione di complessi proteici funzionali.
    - Le modificazioni post-traslazionali delle proteine svolgono un ruolo critico nella regolazione della loro attività di traduzione e nell'assemblaggio di complessi proteici attivi.

Presented with xmind