

[Akceptuje](#)

W ramach naszej witryny stosujemy pliki cookies w celu świadczenia państwu usług na najwyższym poziomie, w tym w sposób dostosowany do indywidualnych potrzeb. Korzystanie z witryny bez zmiany ustawień dotyczących cookies oznacza, że będą one zamieszczone w Państwa urządzeniu końcowym. Możecie Państwo dokonać w każdym czasie zmiany ustawień dotyczących cookies. Więcej szczegółów w naszej [Polityce Prywatności](#)

[Portal](#) [Informacje](#) [Katalog firm](#) [Praca](#) [Szkolenia](#) [Wydarzenia](#) [Porównania międzylaboratoryjne](#)
[Kontakt](#)



[Laboratoria](#)
[.net](#)
[Innowacje](#)
[Nauka](#)
[Technologie](#)



[Logowanie](#) [Rejestracja](#) [pl](#)

Newsletter

zapisz się

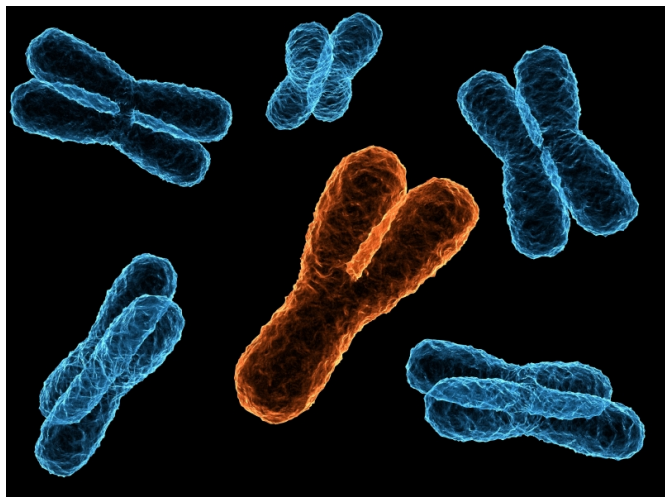
Naukowy styl życia

Nauka i biznes

- [Nowe technologie](#)
- [Felieton](#)
- [Tygodnik "Nature"](#)
- [Edukacja](#)
- [Artykuły](#)
- [Przemysł](#)

[Strona główna](#) > [Informacje](#)

Lepsze zrozumienie ekspresji genów



Celem naukowców biorących udział w finansowanym ze środków UE projekcie CHROMO-ANCHORING było określenie, jakie czynniki pośredniczą w wychwytywaniu chromatyny w stanie cichym i niedostępnym na obrzeżach jądra komórkowego w zróżnicowanych komórkach.

„Wiemy już, że różne komórki w naszym ciele mają wspólną sekwencję DNA, a tkanki mogą być rozróżniane przy użyciu innego podzbioru genów, które można włączać i wyłączać” – wyjaśnia Daphne Cagianca, badaczka biorąca udział w projekcie CHROMO-ANCHORING. „Choć odpowiada za to głównie działanie czynników transkrypcyjnych, nie wiemy jeszcze, czy jest to precyzowane przez modyfikacje epigenetyczne zmieniające dostęp tych czynników do sekwencji DNA”.

Cagianca i jej zespół chcieli uzyskać odpowiedź na pytanie, czy położenie przestrzenne DNA w jądrze komórkowym ma wpływ na poprawne programowanie ekspresji genów. „Moim celem było stwierdzenie, jakie czynniki pośredniczą w wychwytywaniu chromatyny w stanie cichym, niedostępnym na obrzeżach jądra komórkowego w zróżnicowanych komórkach” – wyjaśnia Cagianca. „Moim celem długoterminowym jest zbadanie, czy organizacja przestrzenna ma znaczenie dla zachowania zróżnicowanych wzorców ekspresji genów oraz zmian w odpowiedzi na stres”.

Identyfikowanie alternatywnych szlaków

Najczęściej występujące bloki budulcowe chromatyny to histony tworzące jednostkę o wysokiej powtarzalności, która upakuje nici DNA. Histony podlegają wielu modyfikacjom chemicznym, które występują przed ich związaniem z DNA i po nim. Po modyfikacji histony mogą regulować elastyczność chromatyny i ekspresję genów. „Polegając głównie na dystrybucji tych modyfikacji histonów, chromatynę można podzielić na dwie główne klasy: euchromatynę zwykle zawierającą aktywne geny oraz heterochromatynę, która odpowiada stabilnie wyciszonym częściom genomu” – mówi Cagianca. „U różnych gatunków te dwie klasy chromatyny zachowały różne funkcje i znajdują się w różnych miejscach w jądrze komórkowym”.

U nicieni *C. elegans* odkryto, że szczególna metylacja modyfikująca lizynę 9 histonu H3 (H3K9me) stanowi kluczowy sygnał do segregacji przestrzennej heterochromatyny w otoczce jądra komórkowego – podwójnej błonie, która otacza jądro komórkowe. Ta modyfikacja jest również rozpoznawana przez białka, które sprawiają, że chromatyna staje się cicha transkrypcyjnie, to jest heterochromatyczna. Dlatego wychwytywanie na obrzeżach jądra komórkowego oraz brak aktywności transkrypcyjnej były koordynowane przez modyfikację histonu H3K9 na wczesnym etapie rozwoju. Jednak po zróżnicowaniu komórek embrionalnych w różne tkanki Cagianca zaobserwowała, że u robaków, u których nie ma sygnału H3K9me, nadal występuje segregacja heterochromatyny w otoczce jądra komórkowego, jak u osobników typu dzikiego. To sugeruje, że aktywny był inny szlak, który nie wymaga sygnału metylacji K9, a mógł utrzymywać heterochromatynę na obrzeżach jądra

komórkowego w zróżnicowanych tkankach.

Możliwe, że drugi szlak pełnił funkcję nadmiarową, w taki sposób, że oba szlaki wzmacniały się nawzajem lub szlak alternatywny całkowicie zastąpił szlak metylacji H3K9 w celu promocji segregacji euchromatyny z heterochromatyny w zróżnicowanych komórkach. „Odkrycie białek biorących udział w tym mechanizmie segregacji w jądrach komórkowych komórek jelitowych stało się celem moich badań” - mówi Cabianca.

Odkrycie białka MRG-1

Wykonując badanie przesiewowe dotyczące białek, które mogą potencjalnie rozpoznawać modyfikacje histonów, naukowcy odkryli białko MRG-1, którego utrata powodowała ablację wyraźnej separacji heterochromatyny od euchromatyny w komórkach jelitowych. Białko to występuje u różnych gatunków od drożdży po człowieka i wiąże histony przenoszące marker metylacji na inną lizynę histonu H3, H3K36. W przypadku jego braku heterochromatyna i euchromatyna były rozproszone losowo - aktywna chromatylna nie występowała już wyłącznie wewnątrz jądra komórkowego, a nieaktywna chromatylna nie znajdowała się już na obrzeżu. „Jednak tak silny efekt występował tylko w przypadku jednoczesnego usunięcia metylacji H3K9, co potwierdza, że istnieją dwa nadmiarowe szlaki separacji chromatyny w zróżnicowanych komórkach i ani jeden w tkankach, który zastępuje mechanizm działających w przypadku zarodków” - wyjaśnia Cabianca.

W przeciwieństwie do metylacji H3K9 nowo zidentyfikowani gracze w zakresie organizacji przestrzennej chromatyny nie są częścią heterochromatyny, lecz są czynnikami euchromatycznymi. „Nasze wyniki wskazują, że składniki tego drugiego szlaku są pośrednio odpowiedzialne za przeciwdziałanie wiązaniu heterochromatyny na obrzeżach jądra komórkowego” - dodaje Cabianca.

Nowa hipoteza

Naukowcy odkryli, że z przeciwdziałaniem separacji przestrzennej jest związany drugi wysoce konserwatywny czynnik euchromatyczny - acetylotransferazy histonowe (HAT, histone acetyl transferases). HAT modyfikuje te same reszty lizynowe, które mogą ulegać metylacji, ale acetylacja jest charakterystyczna dla aktywnych genów. „Zgodnie z naszą hipotezą marker aktywności narusza domenę heterochromatyczną, przeciwdziałając kompartmentacji zwykle utrzymującej porządek w jądrze komórkowym” - podsumowuje Cabianca. „Dlatego istnieją dwa rodzaje mechanizmów, które wspierają organizację przestrzenną chromatyny w jądrze komórkowym: jeden działa przez pozytywne wychwytywanie represyjnej chromatyny, a drugi utrzymuje czynniki przeciwdziałające pierwszemu szlakowi z dala od cichych domen”.

Źródło: www.cordis.europa.eu

<http://laboratoria.net/aktualnosci/27912.html>



03-10-2024

Studenci poszerzają wiedzę medyczną

Dzięki grze w wirtualnej rzeczywistości.



03-10-2024

Ponad 218 tys. studentów korzysta z mLegitymacji

Informuje Ministerstwo Cyfryzacji.



03-10-2024

Psycholog o pomocy powodzianom

Mamy naturalną potrzebę pomagania ludziom.



03-10-2024

Muzyka pomocna w leczeniu osób

Z zaburzeniami wynikającymi z używania narkotyków czy alkoholu.



03-10-2024

[Kardiochirurgia zмага się z brakami kadrowymi](#)

Podobnie jest też w innych krajach.



03-10-2024

[Potrafimy zapędzić bakterie do roboty](#)

Odpowiednio zaprogramowane bakterie produkują leki, białka i żywność.



03-10-2024

[Mikrożele zmieniające właściwości podczas druku 3D](#)

Dla lepszego poznania raka piersi.



03-10-2024

[System ewaluacji działalności naukowej wymaga zmian](#)

Poważniejsze zmiany powinny wejść w życie od następnego okresu.

Informacje dnia: [Studenci poszerzają wiedzę medyczną Ponad 218 tys. studentów korzysta z mLegitymacji Psycholog o pomocy powodzianom](#) [Muzyka pomocna w leczeniu osób Kardiochirurgia zмага się z brakami kadrowymi](#) [Potrafimy zapędzić bakterie do roboty](#) [Studenci poszerzają wiedzę medyczną Ponad 218 tys. studentów korzysta z mLegitymacji Psycholog o pomocy powodzianom](#) [Muzyka pomocna w leczeniu osób Kardiochirurgia zмага się z brakami kadrowymi](#) [Potrafimy zapędzić bakterie do roboty](#) [Studenci poszerzają wiedzę medyczną Ponad 218 tys. studentów korzysta z mLegitymacji Psycholog o pomocy powodzianom](#) [Muzyka pomocna w leczeniu osób Kardiochirurgia zмага się z brakami kadrowymi](#) [Potrafimy zapędzić bakterie do roboty](#)

Partnerzy