

Лекция 7. Экзон-интронная структура эукариотических генов

Рис.2.

Экзон-интронная структура присуща только эукариотическим генам (генам в клетке с ядерной оболочкой)

Структура (размер) гена непосредственно связана со структурой (размером) генома

Прокариотические гены не содержат интронов, организованы в опероны и содержат один промотор на «взвод» (несколько генов) .

Рис.3. Прокариоты

Схема строения лактозного и триптофанового оперонов.

Рис.4. Эукариоты

Схема строения эукариотического гена.

Рис.5. Рис. 6. Эукариоты

Сравнительный анализ гомологичных генов из различных организмов.

Рис.7. Происхождение интронов и альтернативный сплайсинг. Фундаментальные вопросы.

- Происхождение интронов? Интроны «сначала» или «потом»?
/при инвазии митохондрий и возникновении ядра/
 - Почему они нужны (важны)?
/содержат регуляторы сплайсинга; источник вариабельности/
 - Как может геном эукариот выдерживать такую эволюционную нагрузку ?
/он существует, значит может/
 - Зачем нужен альтернативный сплайсинг ? (координированная экспрессия нужной изоформы).

Рис.8. Общие характеристики экзонов и интронов

- **ЭКЗОН**: Средняя длина экзона ~100пн, медиана ~120пн (характерна для всех эукариотических геномов) распределение длины нормальное
- **ИНТРОН**: Средняя длина ~2000пн, медиана ~200пн. Распределение практически бесконечное (до 600кб). Средняя длина интрона варьирует пропорционально размеру генома.

Рис.9. Сплайсинг. Основные вопросы

Рис.10. Основные сигналы сплайсинга в интроне.

Рис.11. Донорный и акцепторный сайты сплайсинга

Рис.12. Основные типы альтернативного сплайсинга

Рис.13-14. Механизмы возникновения альтернативного сплайсинга

Рис.15. Иллюстрация возможных вариантов сплайсинга.

Рис.16. Механизм сплайсинга

[Рис.17.](#) Структура человеческих U1 и U2 snRNPs

[Рис.18.](#) Происхождение интронов

[Рис.19-24.](#) Консервативность позиций интронов. Консервативность интронов

[Рис.25-26.](#) Трёхмерная структура взаимодействия всех элементов, участвующих в процессе сплайсинга.

[Рис.28-30.](#) Схема сплайсинга.

[Рис.31-33.](#) Размеры интронов и их доля в геномах

[Рис.34.](#) Различие в экспрессии в норме и раковой ткани

[Рис.35.](#) Пример генная сети, содержащей продукты альтернативного сплайсинга в раке кишечника