

# I principali domini di attivazione (AD) dei fattori inducibili di trascrizione

- **Acidico**
  - Elica anfipatica, con aa acidi su un lato
  - nessuna struttura secondaria o terziaria conservata
- **Ricco di Glutamina (Q-rich)**
- **Ricco di Prolina (P-rich)**

# Non vi è corrispondenza fra i domini DBD e quelli AD

- **Esempi di proteine con AD acidico**
  - GAL4 (un particolare Zn finger:  $Zn_2Cys_6$ )
  - AP1 (bZIP)
  - VP16 (no DBD)
- **Esempi di proteine con Q-rich AD**
  - Sp1 (Zn finger)
  - Antp (omeodominio)
  - Oct (POU-omeo)

# Non vi sono strutture fisse nei domini di attivazione (AD)

- DBD dei fattori di trascrizione formano strutture discrete che possono essere individuate ed analizzate mediante cristallografia ai raggi X ed NMR
- Gli **AD** non generano mappe elettroniche identificabili nell'analisi cristallografica: questo significa che **non formano strutture discrete**
- Si ipotizza che gli AD restino non strutturati sino all'interazione con il bersaglio (modello dell' *induced fit*)

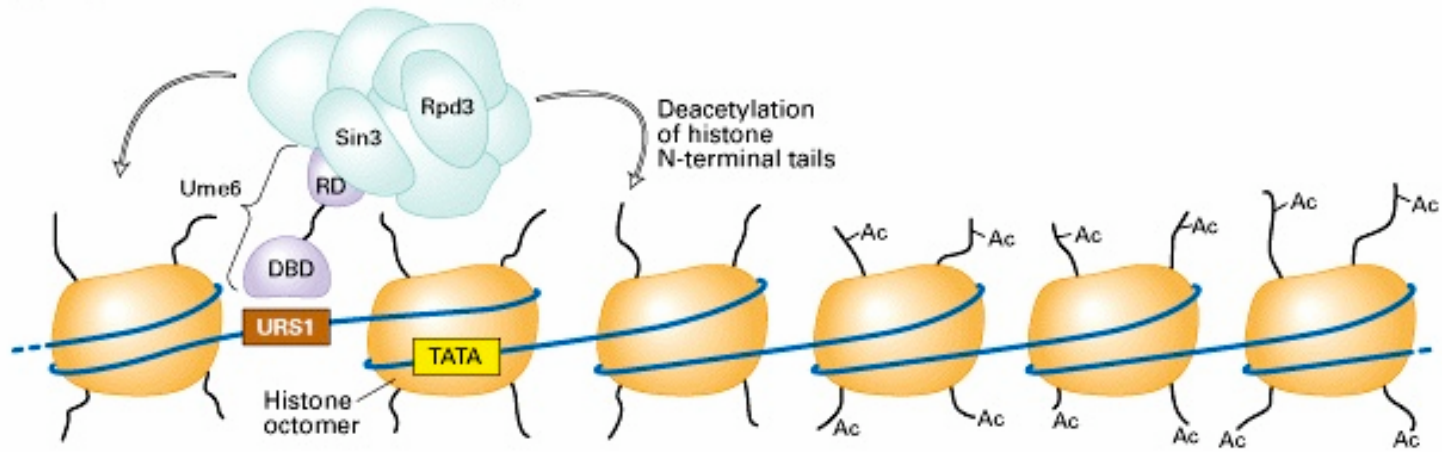
## Complessi contenenti Bromodominii

	<i>Bersaglio</i>	<i>Attività</i>
SAGA	H3 e H2B	HistoneAcetylTransferasi
P300/CBP	H2A,H2B,H3,H4	HistoneAcetylTransferasi
TFIID		Attivazione Trascrizione
SWI/SNF		Rimodellatore

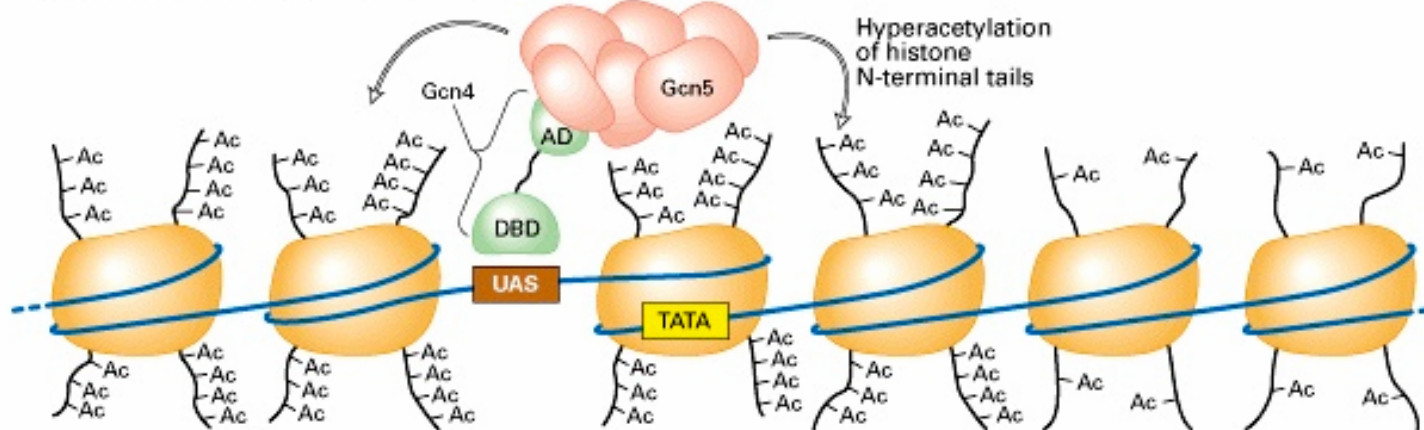
## Complessi contenenti Cromodominii

NuA4	H4	HistoneAcetylTransferasi
NuRD		HistoneDeAcetylase
SUV39/CLR4		HistoneMetylase
Mi2/NuRD		Rimodellatore

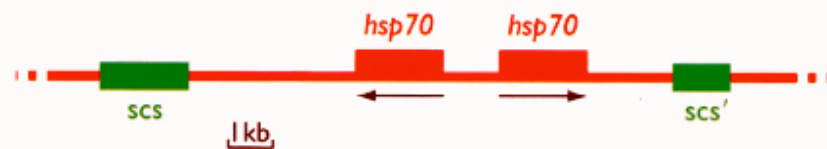
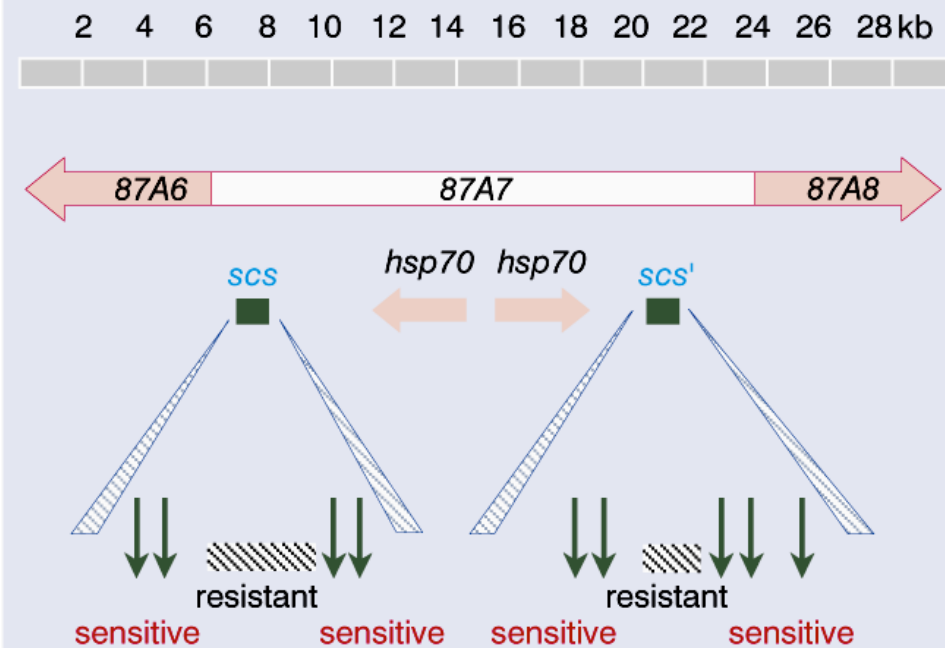
(a) Repressor-directed histone deacetylation



(b) Activator-directed histone hyperacetylation

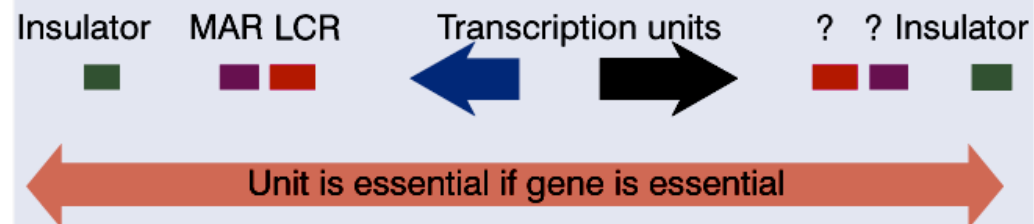


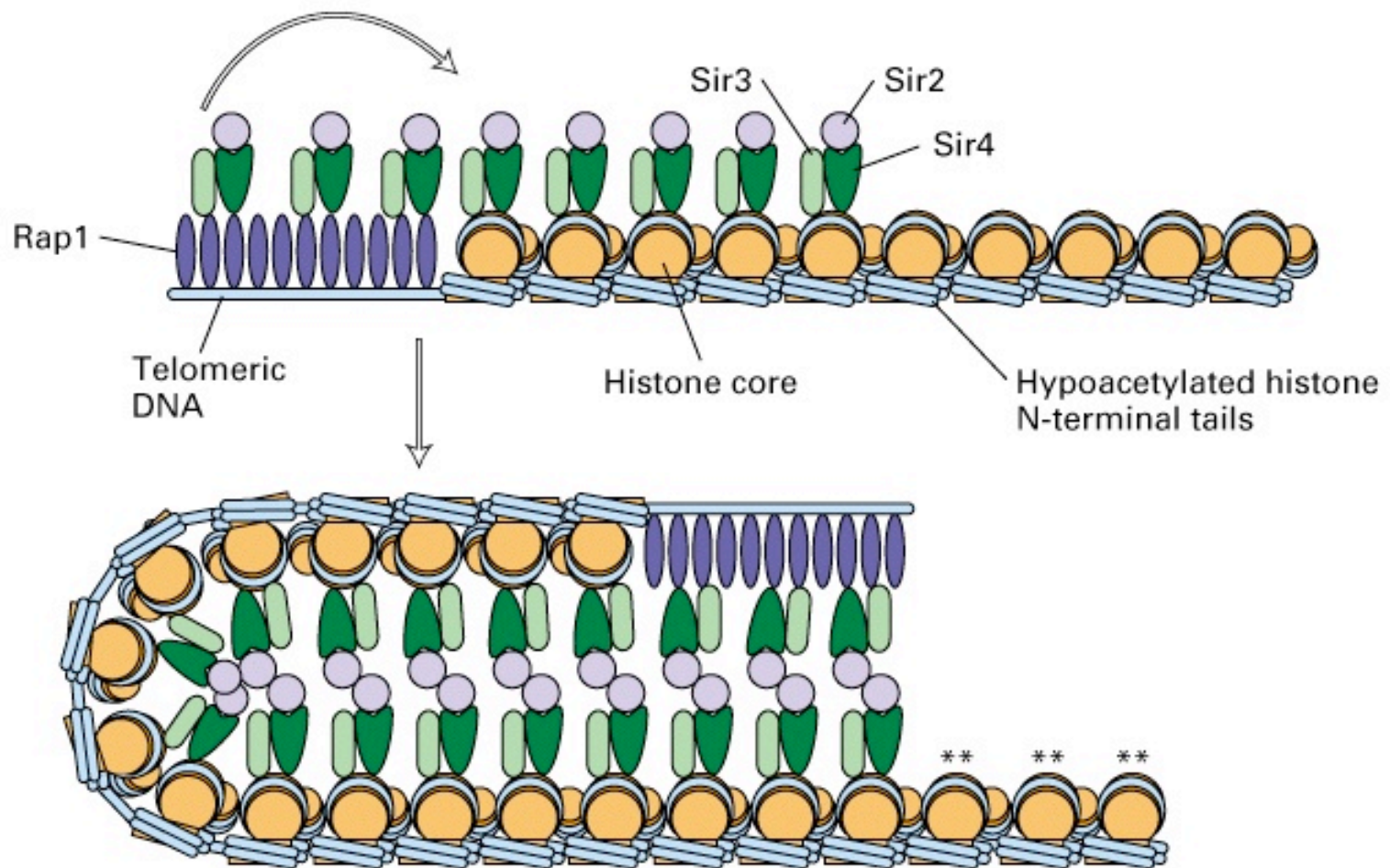
**Figure 21.23** Specialized chromatin structures that include hypersensitive sites mark the ends of a domain in the *D. melanogaster* genome and insulate genes between them from the effects of surrounding sequences.



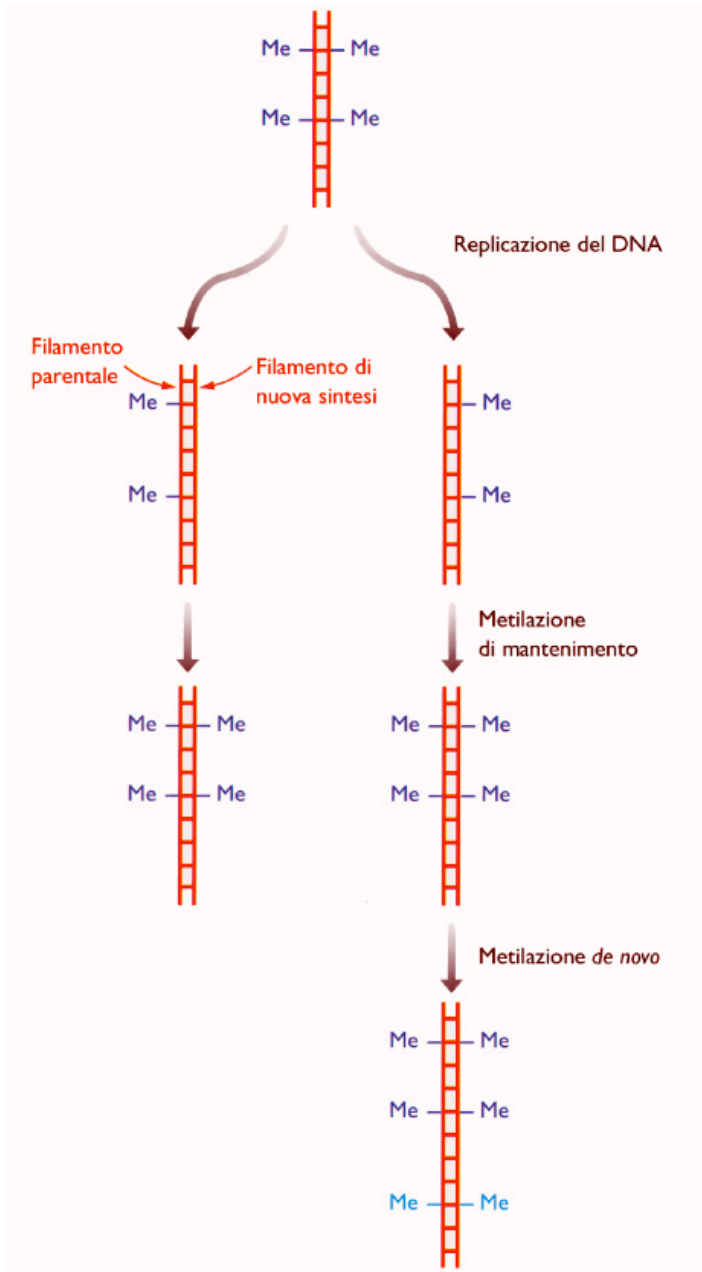
**Figura 8.4** Sequenze "insulator" nel genoma del moscerino della frutta.

**Figure 21.27** Domains may possess three types of sites: insulators to prevent effects from spreading between domains; MARs to attach the domain to the nuclear matrix; and LCRs that are required for initiation of transcription.









**Figura 8.11** Metilazione di mantenimento e metilazione de novo.

**Figure 19.51** The state of methylation is controlled by three enzymes.

