

№ 3

а) Эносомер представляет собой небольшой фрагмент или послед-ть ДНК, которая рабо-тает, чтобы ускорить или замедлить скорость транскрипции. Обычно составляет 20-400 пар оснований ДНК.

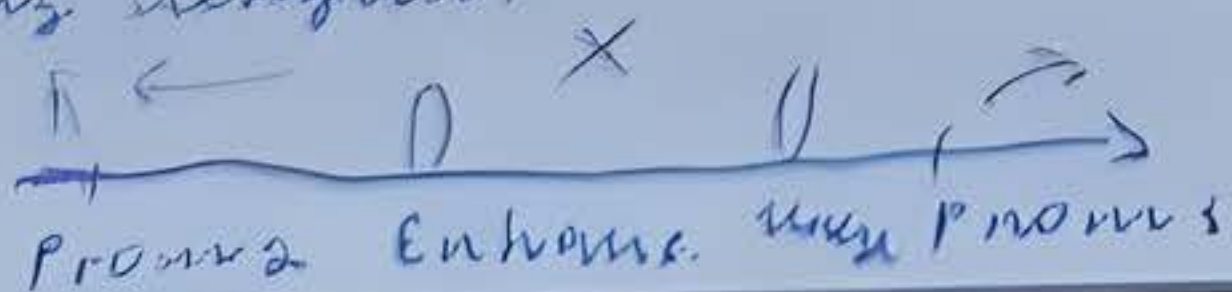
Место: либо выше, либо ниже по потоку от конкретного гена и может быть в том же или в различной ориентации по сравнению с геном, который транскрибируется. Все должно быть близко к ^{генетическому} ~~содержанию~~ ^{содержанию} транскрипции. Функциями могут быть: активация/репрессия.

• Промотор - часть ДНК послед-тей, которые обеспечивают, где транскрипция ДНК ДНК пошлется. Разойти почитаются они участвуют в инициации или начале генетической транскрипции. Определяют, какие участки ДНК будут расширяться и направление транскрипции.

Место: выше от начала транскрипции по 5'-концу, где почитается транскрипция, он должен быть в 5' позиции рядом с геном, тогда получится расширяться.

• Ингибиторы - это также послед-ти ДНК. Специальные регуляторные элементы, которые могут блокировать сайты окисления. Блокируют взаимодействие между экзонером и промотором, если находится между ними.

из клетки:



г) Энхансер

1) Энхансер связан с факторами транскрипции, а промотор с факторами транскрипции и РНК-полимеразой.

2) Энхансер - фрагмент ДНК, усиливающий транскрипцию, а промотор - фрагмент, действующий для инициирования или начала транскрипции гена.

3) Энхансер не обязательно быть близко к месту иницииции транскрипции, а промотору обязательно.

4) Энхансер может быть выше/ниже от места, где начинается транскрипция, а промотор всегда сверху от места начала транскрипции.

5) Энхансер работает, чтобы ~~увеличить~~ транскрипцию

~ 2

~~ДНК~~ DNA se-seq - метод для определения ~~полюса~~ ~~ниж~~ регуляторных регионов. Основан на секвенировании областей, гиперчувствительных к расщеплению ДНКзой I. Используется для определения предпочтительного распределения сайтов расщепления ДНКзой I и откр. хроматина.

Процесс: выделение ядер; обработка ДНКзой I и зашивание ДНК в ~~ак~~ аллазу; идентификация продуктов обработки с помощью электрофореза; затупление образующихся выступающих концов; создание библиотеки. Итоговый продукт амплифицируют и проводят электрофорез. После картирования рядов мутаций удаляют.

ATAC-seq - метод для полногеномного оценивания степени открытости хроматина. Метод выявляет открытые участки ДНК с помощью гиперчувствительной мутационной формы Tn5, способной адгезии для секвенирования в открытых участках генома. Фермент,

используемый АТАС- seq имеет повышенную чувстви-
тельность. В ходе транскрипции Tn5 вносит структурные
разрывы в открытые участки генома, и встав-
ляет в области разрыва адаптеры для секвениро-
вания. Промышленные, содержащие адаптеры олигонук-
леотиды, основанные на прометий, полученные после сек-
венирования можно вызвать открытые участки
генома, связываясь с транскрипцией. Факторы и
различные нуклеотиды. Промышленные промоторы зави-
сят от прометий по частотам генома.

23

а) СРБ островки - такие участки генома, которые
содержат высокое процентное содержание СВ по нукле-
отидов, идущих подряд.

Метилирование ДНК - это результат процессов, в ходе
которых в определенных нуклеотидов в составе
ДНК садится или не садится метильная
группа, которая может исполнить роль метки-
защиты, ингибирующей белковые комплексы
о том, как они ведут себя относительно данного
фрагмента ДНК.

ДНК построена из 4 нуклеотидов, но у нуклеотидов
метилирования подвергается только лишь цитозин.
Посадку метильной группы осуществляет фермент
метилтрансфераза.

б) Бициклическое секвенирование - группа методов,
направленных на изучение шаблона метилирования
ДНК с помощью обработки бициклическим. После бици-
клической конверсии шаблон ДНК амплифицируется
с помощью ПЦР, который не различает метили и неметили
послед-ств. Для разделения применяют прямое
секвенирование; пиросеквенирование; высокочувствительное проявление;
однолучи, удлинение; расщепление.

Прямое секвенирование: использованием ПЦР, праймеров
не содержащих цитозина, вводящих в СРБ-нуклеотиды
для праймеров использованием участка, близкого к нуклеотиду
сайту метилирования, но не содержащего его. Когда ци-
тозин, был неметилирован, в послед-ств обнаруживается

ся пинин, а в сшитерированной носед-ти адетин.
белл дитозин бел метемирован, то в олтилизир.
носед-ти он основан, а вот в контиментар-
ной октедироване цоитин.

1/4

б) НЗ а дитин 3 озноам, то модифицирован
позноамовей белом НЗ, 7 позиция, ас- модифико-
уемь октедироване, также бивает те моди-
фикаци метемироване.

в) дитин проноаме - познестити ценом, т.е.
определити позиции проноаме, темо цено
с октивной экспрессией, экзон, интрон.

Беломе фойлы - бат, фойлы с модификациями
позноамов, октедир цу которме ценом роудеити
ценом ценом заранее заданное кон-во частей (сам
задаём порамеит).

Пронааме използва цени Маркова ~~создаём~~
роудеити ценом ценом ценом, но не задаём биоло-
гические функции, а лишь оторемет одну часть
от другой. Присем кон-во типов ценом задаём.
Затем можно различным способом определить
биологические функции роудеити ценом
Оторемити где проноаме, где экзон и т.д.

Это можно сделать, зная, какие модификации
познестити в какие ценом. Также, один цу
способов определить биодифуцию октедир цу ценом
экспрессии, ещё 1 - визуально, използва ИСРС.
Беломе Вгон сег.

Дитин витка ДКте ≈ 200 пар слов, октедир ценом
состоит оно цу ценом белом. Это-структур-
ная часть ценом, позволяющая ценом
бити нити ДКте в ценом. структуру.

Кон-во модификаций $\approx 200/3$ кон-во модификаций 1
позиции. Всего, дитин, есть в вариантов модификации

метана (оценки и перенос - с разными
точками анализа).

П. е. получается общее кол-во возможных модифи-
каций $\approx 200 / 3 \cdot 6 = 400$

↑
200 погр
основ-й.

а) ~~не~~ Нуклеосомы - структурная часть хромо-
сомы, образованная совместной упаковкой нити
ДНК с метановыми белками. H2A, H2B, H3, H4.
Послед-ть нуклеосом, соединённых метановыми белками
H1 формирует нуклеосо~~м~~ сочную нить. Вокруг
ядра ДНК идет 1,67 оборотов. Частота ДНК между
между нуклеосомами (линейная ДНК) 40-100 н.м.