

1: Modell der Transkriptionsfaktoren für die Bindung von Polymerase II

onssequenzen entweder als „**Enhancer**“ oder als „**Silencer**“ bezeichnet. An Enhancer binden Aktivatorproteine, an Silencer Repressorproteine. Die Sequenzen für Enhancer oder Silencer befindet sich meist Tausende von Basenpaaren entfernt „stromaufwärts“. Um die Transkription beeinflussen zu können wird angenommen, dass die DNA eine Schleife bildet (**Abb. 1**), wodurch die Aktivatorproteine mit dem Transkriptionskomplex in Wechselwirkung treten können.

Wie **Abb. 1** deutlich macht, geschieht dies jedoch nicht direkt, sondern über die Vermittlung durch weitere Proteine, die als Transkriptionscofaktoren bezeichnet werden. Sie bilden zusammen einen großen Proteinkomplex, der als „Mediator“ bezeichnet wird.

Aktivatorproteine fördern nicht nur den Zusammenbau von Transkriptionskomplexen, sie verändern auch die lokale Chromatinstuktur (► **Modell 2**). Dazu rekrutieren sie Chromatin-Umformungskomplexe und aktivieren Enzyme, die Histonmodifikationen katalysieren.

Die meisten Gene werden auf der Ebene der Transkription reguliert. Je größer ein Genom ist, desto mehr Transkriptionsfaktoren gibt es insgesamt und pro Gen. Im menschlichen Genom kodieren bis zu 10% der Gene für etwa 2500 Transkriptionsfaktoren. Damit bilden die Transkriptionsfaktoren eine der größten Proteinfamilien in menschlichen Zellen.

Die Aktivität der Transkriptionsfaktoren wird von zellulären Faktoren reguliert. So werden z. B. Transkriptionsfaktoren, die Gene regulieren, die an der Kontrolle des Zellzyklus beteiligt sind, durch Signalmoleküle des Zellzyklus kontrol-

liert, während Transkriptionsfaktoren, die die Expression von Stoffwechselenzymen steuern, durch Stoffwechselprodukte reguliert werden.

