

子，IS 序列就不能再单独移动，因为它们的功能被修饰了，只能作为复合体移动。大部分情况下，这些转座子的转座能力是由 IS 序列决定和调节的。除了末端带有 IS 序列的复合转座子外，还存在一些没有 IS 序列的，体积庞大的转座子（5000bp 以上）——TnA 家族。

12 请说说插入序列与复合型转座子之间异同。

答：转座子是存在于染色体 DNA 上的可自主复制和位移的基本单位。最简单的转座子不含有任何宿主基因而被称为插入序列（IS），他们是细菌染色体或质粒 DNA 的正常组成部分。她常常被定位到特定的基团中，造成基因突变。

复合式转座子是一类带有某些抗药性基因的转座子，其两翼是相同的或高度同源的 IS 序列，且 IS 序列是不能单独移动的只能作为复合体移动而且 IS 序列也决定和调节转座子的转座能力。也是有没有 IS 序列的转座子 Tna 家族，其两翼带有 38bp 的倒置重复序列

13. 组蛋白上都存在哪些修饰？其作用是什么？(P27)

答：甲基化、乙酰化、磷酸化、泛素化及 ADP 核糖基化等。

以甲基化（基因激活与沉默）、乙酰化（转录激活，转录延伸，DNA 修复拼接复制，染色体组装，基因沉默，信号转导）为主。影响染色体的结构和功能、基因的表达和沉默。

第三章 生物信息的传递（上）---从 DNA 到 RNA

1，什么是编码链？什么是模版链？

答：与 mRNA 序列相同的那条 DNA 链称为编码链（或有意义链）；另一条根据碱基互补原则指导 mRNA 合成 DNA 链称为模版链（或反义链）。

2，简述 RNA 转录的概念及其基本过程。

答：RNA 转录：以 DNA 中的一条单链为模板，游离碱基为原料，在 DNA 依赖的 RNA 聚合酶催化下合成 RNA 链的过程。
基本过程：模版识别—转录开始—转录延伸—转录终止...

3，大肠杆菌的 RNA 聚合酶有哪些组成成分？各个亚基的作用如何？

答：大肠杆菌的 RNA 聚合酶由 2 个 α 亚基、一个 β 亚基、一个 β' 亚基和一个 ω 亚基组成的核心酶，加上一个 σ 亚基后则成为聚合酶全酶。 α 亚基肯能与核心酶的组装及启动子的识别有关，并参与 RNA 聚合酶和部分调节因子的相互作用；

β 亚基和 β' 亚基组成了聚合酶的催化中心， β 亚基能与模版 DNA、新生 RNA 链及核苷酸底物相结合。

4，什么是封闭复合物、开放复合物以及三元复合物？

答：模版的识别阶段，聚合酶与启动子可逆性结合形成封闭性复合物；封闭性复合物形成后，此时，DNA 链仍然处于双链状态，伴随着 DNA 构象的重大变化，封闭性复合物转化为开放复合物；开放复合物与最初的两个 NTP 相结合并在这两个核苷酸之间形成磷酸二脂键后即转变成包括 RNA 聚合酶、DNA 和新生 RNA 的三元复合物。

5，简述 σ 因子的作用。

答：1， σ 因子的作用是负责模版链的选择和转录的起始，它是酶的别构效应物，使酶专一性识别模版上的启动子；2， σ 因子可以极大的提高 RNA 聚合酶对启动子区 DNA 序列的亲合力；3， σ 因子还能使 RNA 聚合酶与模版 DNA 上非特异性位点结合常数降低。

6，什么是 Pribnow box？它的保守序列是什么？

答：pribnow box 是原核生物中中央大约位于转录起始位点上游 10bp 处的 TATA 区，所以又称作 -10 区。它的保守序列是 TATAAT。

7, 什么是上升突变? 什么是下降突变?

答: 上升突变: 细菌中常见的启动子突变之一, 突变导致 Pribnow 区共同序列的同一性增加; 下降突变: 细菌中常见的启动子突变之一, 突变导致结构基因的转录水平大大降低, 如 Pribnow 区从 TATAAT 变成 AATAAT。

9, 大肠杆菌的终止子有哪两大类? 请分别介绍一下它们的结构特点。

答: 大肠杆菌的终止子可以分为不依赖于 p 因子和依赖于 p 因子两大类。不依赖于 p 因子的终止子结构特点: 1, 位于位点上游一般存在一个富含 GC 碱基的二重对称区, 由这段 DNA 转录产生的 RNA 容易形成发卡式结构。2, 在终止位点前面有一端由 4—8 个 A 组成的序列, 所以转录产物的 3' 端为寡聚 U。依赖于 p 因子的终止子的结构特点:

10, 真核生物的原始转录产物必须经过哪些加工才能成为成熟的 mRNA, 以用作蛋白质合成的模版。

答: 1, 装上 5' 端帽子; 2, 装上 3' 端多聚 A 尾巴; 3, 剪接: 将 mRNA 前体上的居间顺序切除, 再将被隔开的蛋白质编码区连接起来。剪接过程是由细胞核小分子 RNA 参与完成的, 被切除的居间顺序形成套索形; 4, 修饰: mRNA 分子内的某些部位常存在 N6-甲基腺苷, 它是由甲基化酶催化产生的, 也是在转录后加工时修饰的。

12, 什么是 RNA 编辑? 其生物学意义是什么?

答: RNA 编辑是指某些 RNA 特别是 mRNA 前体经过插入、删除或取代一些核苷酸残基等操作, 导致 DNA 所编码的遗传信息的改变, 使得经过 RNA 编辑的 mRNA 序列发生了不同于模版的 DNA 的变化。生物学意义: 1, 校正作用, 有些基因在突变的途中丢失的遗传信息可能通过 RNA 的编辑得以恢复; 2, 调控翻译, 通过编辑可以构建或删除其实密码子和终止密码子, 是基因表达调控的一种方式; 3, 扩充遗传信息, 能使基因产物获得心得结构核功能, 有利于生物的进化。

13, 核酶具有哪些结构特点? 其生物学意义是什么?

答: 核酶的结构特点: 核酶的锤头结构特点是: 三个茎区形成局部的双链结构; 其中含 13 个保守的核苷酸, N 代表任何核苷酸; 生物学意义: 1, 核酶是继反转录现象之后对中心法则的有一个重要的修正, 说明 RNA 既是遗传物质又是酶; 2, 核酶的发现为生命起源的研究提供了新思路——也许曾经存在以 RNA 为基础的原始生命。

第四章 生物信息的传递(下) ----从 mRNA 到蛋白质

1, 遗传密码有哪些特征?

答: 1, 密码的连续性, 密码之间无间断也没有重叠; 2, 密码的简并性, 许多氨基酸都有多个密码子; 3, 密码的通用性和特殊性, 遗传密码无论在体内还是在体外, 无论是对病毒、细菌、动物还是植物而言都是通用的, 但是也有少数例外; 4, 密码子和反密码子的相互作用。

2, 有几种终止密码子? 它们的序列和别名分别是什么?

答: 3 种, UAA、UAG 和 UGA, 别名是无意义密码。

3, 简述摆动学说。

答: 1966 年, Crick 根据立体化学原理提出摆动学说, 解释了反密码子中某些稀有成分的配对。摆动学说认为, 在密码子与反密码子的配对中, 前两对严格遵守碱基配对原则, 第三对碱基有一定的自由度, 可以“摆动”, 因而使某些 tRNA 可以识别 1 个以上的密码子。认为除 A-U、G-C 配对外, 还有非标准配对, I-A、I-C、I-U, 并强调密码子的 5' 端第 1、2 个碱基严格遵循标准配对, 而第 3 个碱基可以非标准配对, 具有一定程度的摆动灵活性。

4, tRNA 在组成和结构上有哪些特点?

答: 1. tRNA 中含有稀有碱基, 除 ACGU 外还含有双氢尿嘧啶、假尿嘧啶等; 2. tRNA 分子形成茎环结构; 3. tRNA 分子末端有氨基酸接纳茎; 4. tRNA 分子序列中很有反密码子。

6, 什么是 SD 序列? 其功能是什么?