简答题

第一章 染色体与DNA：

一、真核生物基因组特征

1.真核基因组庞大，一般远大于原核生物的基因组。

2.真核基因组存在大量的重复序列。

3.真核基因组大部分为非编码序列，占整个基因组序列的90%以上，这是真核生物与原核生物的重要区别。

4.真核基因组的转录产物为单顺反子。

5.真核基因是断裂基因，有内含子结构。

6.真核基因组存在大量的顺式作用元件。

7.真核基因组中存在大量的DNA多态性。

8.真核基因组具有端粒结构。

二、原核生物基因组特征

1结构简练：DNA中的大部分结构是用来编码蛋白质

2存在转录单元：在原核生物中功能相关的蛋白的基因往往集中在基因组的一个或几个特定部位如大肠杆菌乳糖操纵子

3有重叠基因：两种或两种以上的基因公用部分DNA序列，则这些基因互称重叠基因

三、真核生物DNA复制特点

1、真核生物每条染色体上有多个复制起点，多复制子（约150bp左右）；

2、复制叉移动的速度较慢（约50bp／秒），仅为原核生物的1／10。

3、真核生物染色体在全部复制完之前,各个起始点不再重新开始DNA复制；真核生物快速生长时，往往采用更多的复制起点。

4、真核生物有多种DNA聚合酶。

5、真核生物DNA复制过程中的引物及冈崎片段的长度均小于原核生物。（真核冈崎片段长约100-200bp，原核冈崎片段长约1000-2000bp。）

6、真核生物线性DNA末端具有端粒结构

四、原核和真核生物DNA的复制特点比较

① 复制起点（ori）：原核一个，真核多个；

② 复制子：原核一个，真核多个；

③ 复制子长度：原核长；真核短；

④ 复制叉：原核多个；真核多个；

⑤ 复制移动速度：原核较快；真核较慢；

⑥ 真核生物染色体在全部完成复制前，各起始点的DNA复制不能再开始。而在快速生长的原核生物中，复制起点上可以连续开始新的DNA复制。

⑦ 原核生物染色体的复制与细胞分裂同步，可以多次复制；真核生物染色体的复制发生在S期，是细胞分类的特定时期，而且仅此一次。

五、大肠杆菌复制体完成复制的过程

1双链的解开

2 RNA引物的合成

3 DNA链的延伸

4切除RNA引物，填补缺口，连接相邻的DNA片段

六、P-转座子特征

1.当p转座子在转座酶的催化下，会导致不育。

2.p型果蝇存在p转座子，m型没有。

3.p型果蝇在细胞质中存在一个可遗传的、抑制转座酶表达的因子，m型没有

七、转座引起的遗传学效应

1.插入突变

2.转座产生新基因

3.转座产生染色体畸变

4.转座引起生物进化

八、端粒的结构与功能

结构：是一段DNA序列和蛋白质形成的复合体，由多个串联在一起的非转录序列(TTAGGG)组成。

功能：

1、保证线性DNA的完整复制

2、保护染色体末端不受核酸酶水解和不发生染色体的异常重组

九、DNA的修复

|  |  |
| --- | --- |
| DNA修复系统 | 功能 |
| 错配修复 | 恢复错配 |
| 碱基切除修复 | 切除突变的碱基 |
| 核甘酸切除修复 | 修复被破坏的DNA |
| DNA直接修复  SOS系统 | 修复嘧啶二体或甲基化DNA  DNA的修复，导致变异 |

第二章 转录与剪接：

一、大肠杆菌转录终止子的分类和特点

1.强终止子－内部终止子（intrinsic terminator）又称为不依赖Rho (ρ)因子的转录终止

特点：

1）终止位点上游一般存在一个富含GC碱基的二重对称区，转录生成的RNA形成发夹结构；

2）在终止位点前面有一段由4-8个A组成的序列，所以转录的RNA的3’端为寡聚U。

2.弱终止子－需要ρ因子（rho factor）又称为ρ依赖性终止子（Rho-dependent terminator）

1）当RNA聚合酶转录到发夹结构时发生一定时间的停顿，这时如果没有ρ因子，转录将会继续下去；只有当ρ因子存在时，转录才终止

2）ρ因子是一个相对分子质量为2.0×105的六聚体蛋白，它能水解各种核苷三磷酸，实际上是一种NTP酶。由于催化了NTP的水解，ρ因子能促使新生的RNA链从三元转录复合物中解离出来，从而终止转录。

3）依赖ρ因子的终止——“穷追”模型（hot pursuit）

二、真核生物内含子种类及其结构特点

1 tRNA 内含子：

长度和序列没有共同性，一般有16～46个核苷酸；

位于反密码子下游；

内含子与外显子间的边界没有保守序列；

2 mRNA 内含子：

1）GU-AG主要内含子 细胞核

5‘端有一保守序列（5’-GUPuAGU-3’）,3’端AG附近有一富含嘧啶的区域

2）AU-AC次要内含子 细胞核

3）Ⅰ类自剪接内含子 线性内含子

4）Ⅱ类自剪接内含子 套索状结构

三、转录的基本过程

1、模板识别：RNA聚合酶与启动子DNA双链相互作用并与之相结合的过程

2、转录起始：就是RNA链上第一个核苷酸键的产生

RNA聚合酶与启动子结合后，使启动子附近的DNA双链解离，形成转录泡，为RNA合成提供单链模板，并按碱基配对原则，结合核苷酸，在核苷酸之间形成磷酸二脂键（起始复合物）。

3、RNA链的延伸：

σ亚基脱落，RNA–pol聚合酶核心酶变构，与模板结合松弛，沿着DNA模板前移；

在核心酶作用下，NTP不断聚合，RNA链不断延长

4、转录终止：

当RNA链延伸到转录终止位点时，RNA聚合酶不再形成新的磷酸二酯键，RNA-DNA杂合物分离，转录泡瓦解，DNA恢复双链状态，而RNA聚合酶和RNA链都被从模板上释放出来，这就是转录的终止。

四、真核生物的原始转录产物必须经过哪些加工过程才能成为成熟mRNA，做为蛋白质合成模板

1、5’端加帽：通过鸟苷酸转移酶在mRNA5’端加上一个甲基化鸟嘌呤，使mRNA免遭核酸酶破坏

2、3’端加尾：提高mRNA在细胞质中的稳定性

3、RNA的剪接：从mRNA前体分子中切除内含子的非编码区，并拼接外显子的编码区形成成熟mRNA的过程

4、RNA的编辑：是指转录后的RNA在编码区发生碱基的突变、加入或丢失等现象。

5、再编码及化学修饰

第三章 表达和修饰：

一、真核生物蛋白质复制起始与原核生物的区别

原核生物：

起始tRNA：fMet-tRNAfMet（氨酰-tRNA合成酶）

所需成分：30S小亚基、50S大亚基、模板mRNA、fMet-tRNAfMet、GTP、Mg2+

步骤：30S小亚基+fMet-tRNAfMet+50S大亚基➡️复合物

翻译起始因子：IF-1、IF-2、IF-3

真核生物：

起始tRNA：Met-tRNAMet

步骤：40S小亚基+Met-tRNAMet+60S大亚基=复合物

起始因子(eIF)比较多

二、原核生物的复制起始因子IF1、IF2、IF3的功能分别是什么？

IF-1：仅作为完整的起始复合物的一部分，与30S亚基结合。它的结合在A位，能阻止氨酰-tRNA的进入。它的定位还可以阻止30S亚基和50S亚基的结合。

IF-2：是特异和fMet-tRNAfMet结合并把它带到核糖体上；

IF-3：辅助30S亚基与mRNA上起始位点特异性结合

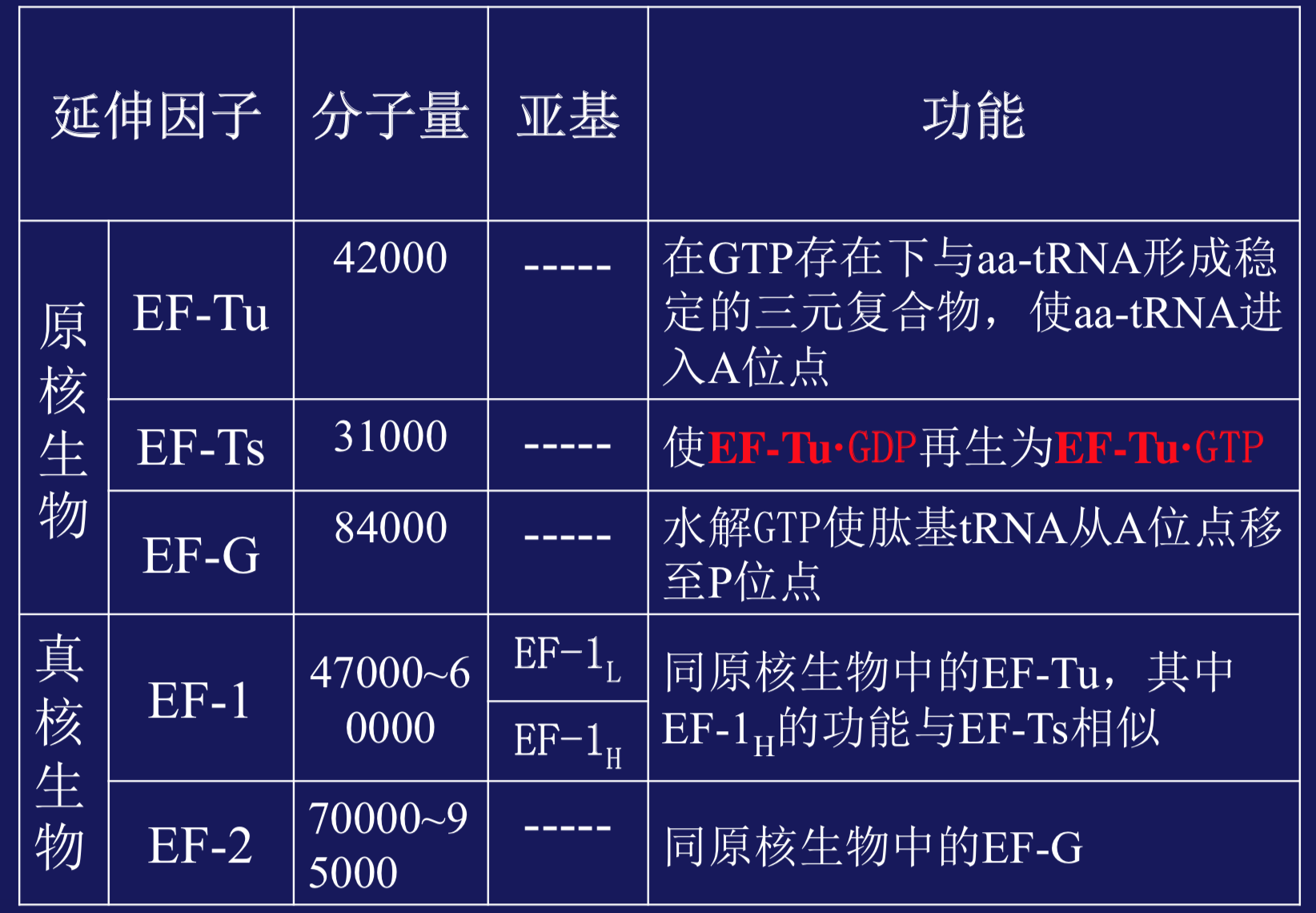
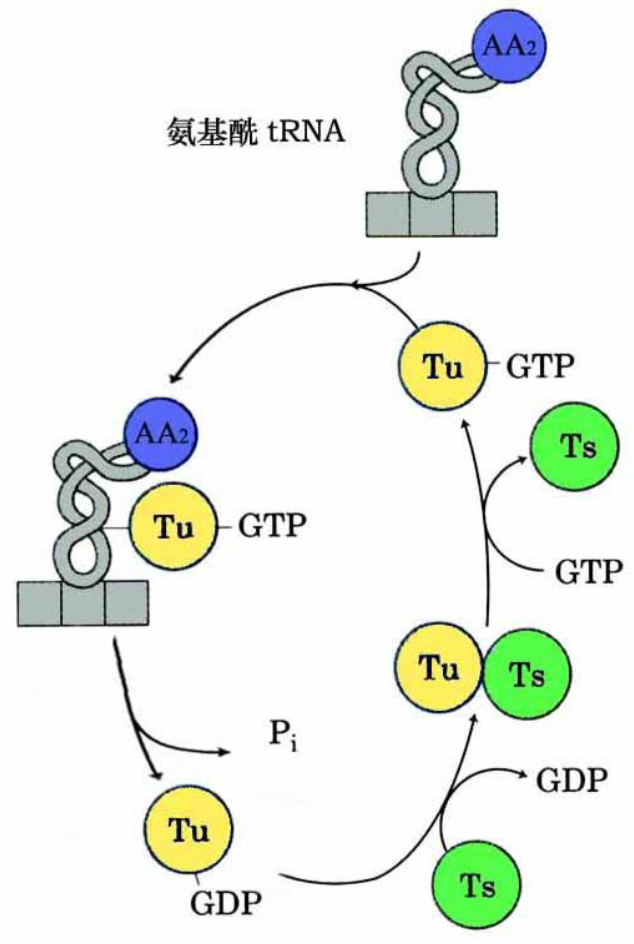
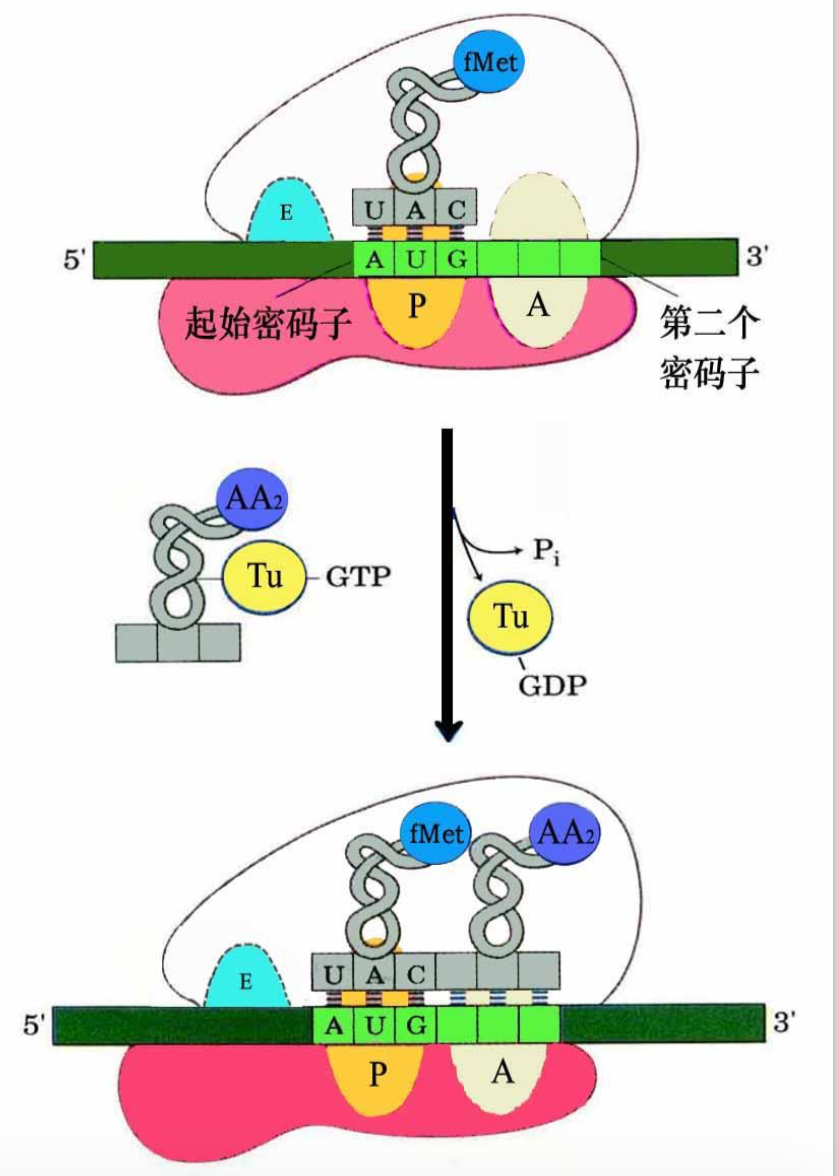
三、肽链延伸过程可以分几步？

1、AA-tRNA与核糖体A位点结合(需要消耗GTP，并需EF-Tu、EF-Ts两种延伸因子)

2、肽键形成：是由转肽酶/肽基转移酶催化(此时A位点的AA-tRNA转移到P位点)

3、移位：核糖体向mRNA3’端方向移动一个密码子，需要消耗GTP，并需EF-G延伸因子

四、原核生物延伸因子EF-Ts、EF-Tu、EF-G的功能是什么，真核生物的延伸因子的功能和作用？



五、肽链的终止

释放因子（原核生物）：

RF1：识别终止密码子UAA和UAG释放因子

RF2：识别终止密码子UAA和UGA

RF3：具GTP酶活性，刺激RF1和RF2活性，协助肽链的释放

释放因子（真核生物）：

eRF1：识别终止密码子UAA,UAG和UGA

eRF3：与RF3相似

六、蛋白质合成抑制剂

四环素类 阻止AA-tRNA与核糖体结合

链霉素,新霉素,卡那霉素 干扰AA-tRNA与核糖体结合而引起读码错误

氯霉素 阻止mRNA与核糖体结合

嘌呤霉素 结合在核糖体的A位，抑制AA-tRNA的进入

白喉毒素 抑制EF-Tu的功能

七、蛋白质运转机制

1、翻译-运转同步机制

信号肽假说，信号肽常指新合成多肽链中用于指导蛋白质跨膜转移的N-末端氨基酸序列（有时不一定在N端）。

信号序列特点：（

（1）一般带有10-15个疏水氨基酸；

（2）在靠近该序列N-端常常有1个或数个带正电荷的氨基酸；

（3）在其C-末端靠近蛋白酶切割位点处常常带有数个极性氨基酸，离切割位点最近的那个氨基酸往往带有很短的侧链（丙氨酸或甘氨酸）。

2、翻译后运转机制

(1)线粒体蛋白质跨膜运转

(2)核定位蛋白的运转机制

第四章 分子生物学技术

一、实时荧光定量PCR的原理

1、原理：

a、在PCR反应体系中加入荧光基团，利用荧光信号累积实现了实时监测整个PCR进程，对起始模板进行定量分析的方法。

b、实时检测PCR扩增，在扩增的指数期对起始模板进行定量

c、Ct值的定义：扩增产物的荧光信号达到设定的阈值时所经过的扩增循环数。此时扩增是呈对数期

d、数学原理：

X Ct:荧光扩增信号达到阈值强度时扩增产物的量；在阈值线设定以后,它是一个常数,我们设为M

X Ct=X0(1+Ex) Ct=M

Log M=logX0(1+Ex) Ct

log X0= -log(1+Ex) \*Ct+ log M

结论：Log X0与Ct呈线性关系，根据样品扩增的Ct值就可计算出样品中所含的模板量。

2、方法

1）SYBR Green法

工作机理：

SYBR Green只有和dsDNA结合后才发荧光

变性时，DNA双链分开，无荧光

在延伸结束阶段采集荧光信号。

SYBR Green也能和非特异的双链DNA结合发光，所以必须在反应结束时做熔解曲线分析

优点：

对DNA模板没有选择性，适用于任何DNA

使用方便，不必设计复杂探针

非常灵敏

便宜

缺点：

容易与非特异性双链DNA结合，产生假阳性。但可以通过熔解曲线的分析，优化反应条件

对引物特异性要求较高

2）TaqMan法

工作机理：

5′端标记有报告基团(Reporter, R)，如FAM、VIC等

3′端标记有荧光淬灭基团(Quencher, Q)

探针完整，R所发射的荧光能量被Q基团吸收，无荧光，R与Q分开，发荧光（相隔太近，荧光共振能量转移）

Taq酶有5′→3′外切核酸酶活性，可水解探针

优点：

对目标序列的高特异性，阴性结果确定

设计相对简单，与目标序列某一区域互补

缺点：

只适合一个特定的目标

委托公司标记，价格较高

不易找到本底低的探针

重复性比较好

二、Sanger双脱氧链终止法

1、原理

1）利用单链DNA模板，合成DNA互补链；

2）利用2’，3’双脱氧核苷三磷酸作底物，参入到寡核酸链的末端，从而终止DNA链的生长

2、步骤

1）同时加入引物和模板、DNA聚合酶1、一种ddNTP、以及四种dNTP（有一种带放射性标记）。

2）变性胶电泳分离反应混合物。

3）放射自显影术，检测单链DNA片段的放射性带。

4）结果判读，从放射性X光底片上，直接读出DNA的核酸顺序

5）分别确定A、G、C、T的位置最后组合到一起

三、Sanger双脱氧-M13体系DNA序列分析法

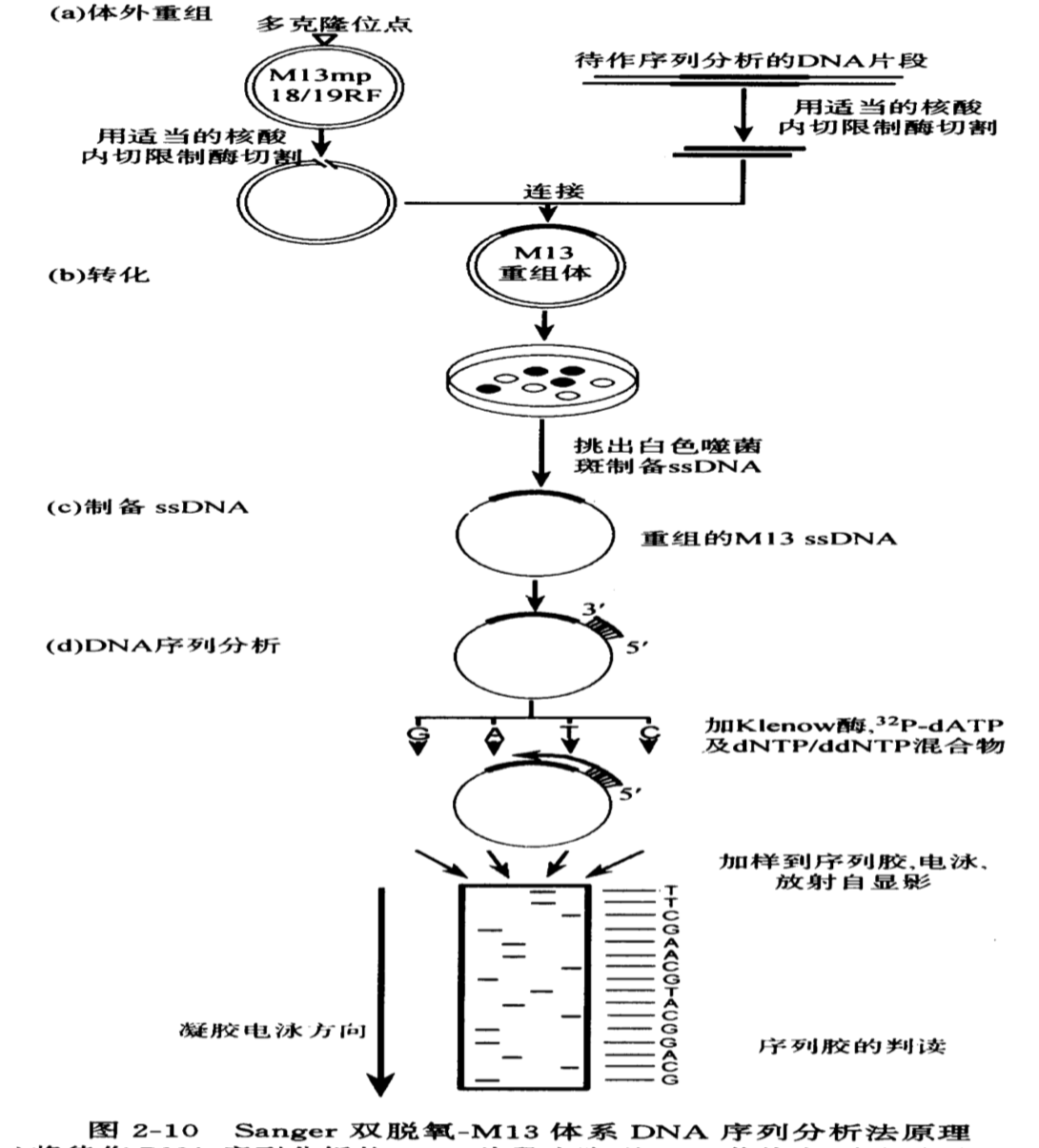
1、引物合成缺点：

这些供作序列测定的DNA片段绝大多数都仅为数百个核酸。因此需要用物理方法分离大量的DNA片段。费时费钱，因为商品提供的核酸内切限制酶的价格是十分昂贵。

2、原理：

将不同限制酶消化切割的DNA限制片段，随机地克隆到载体分子上。选用天然的单链DNA噬菌体，例如M13作为载体，重组体噬菌体的DNA分子，可直接用作模板

3、步骤：



四、RNA干扰（RNA interference RNAi）

1、定义：RNA干扰是一种双链RNA诱导信使RNA降解的基因沉默现象

2、作用机制：

1）双链RNA降解生成特殊结构的RNA，长度约为21～23bp，具有5’单磷酸和3’羟基末端，.3’端均有一个2～3bp 的单链突出（Dicer 核酸酶）

2）小干扰RNA诱导基因沉默复合物(siRNA induced silencing complex,RISC)特异识别并降解同源mRNA，导致靶基因沉默。

3、特征：

1）RNA干扰的普适性，存在于大多数生物中

2）RNA干扰的特异性，特异识别同源mRNA,导致靶基因沉默。

第五章 原核生物基因表达调控

一、乳糖操纵子

1、结构：

CAP结合位点：结合cAMP-CAP复合物（葡萄糖浓度高会阻止cAMP形成）（属于正调控）

启动序列（P区）：结合RNA聚合酶

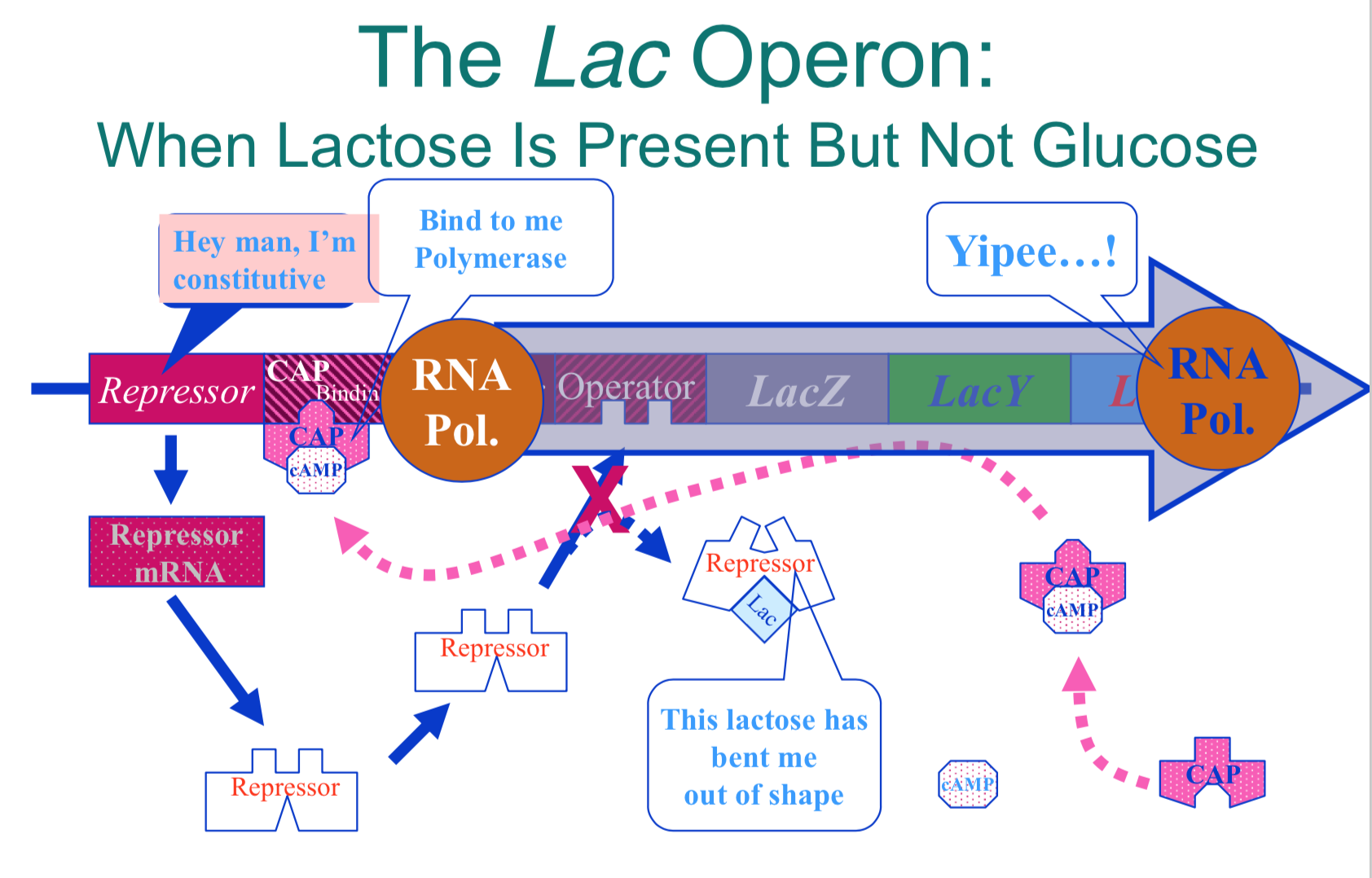
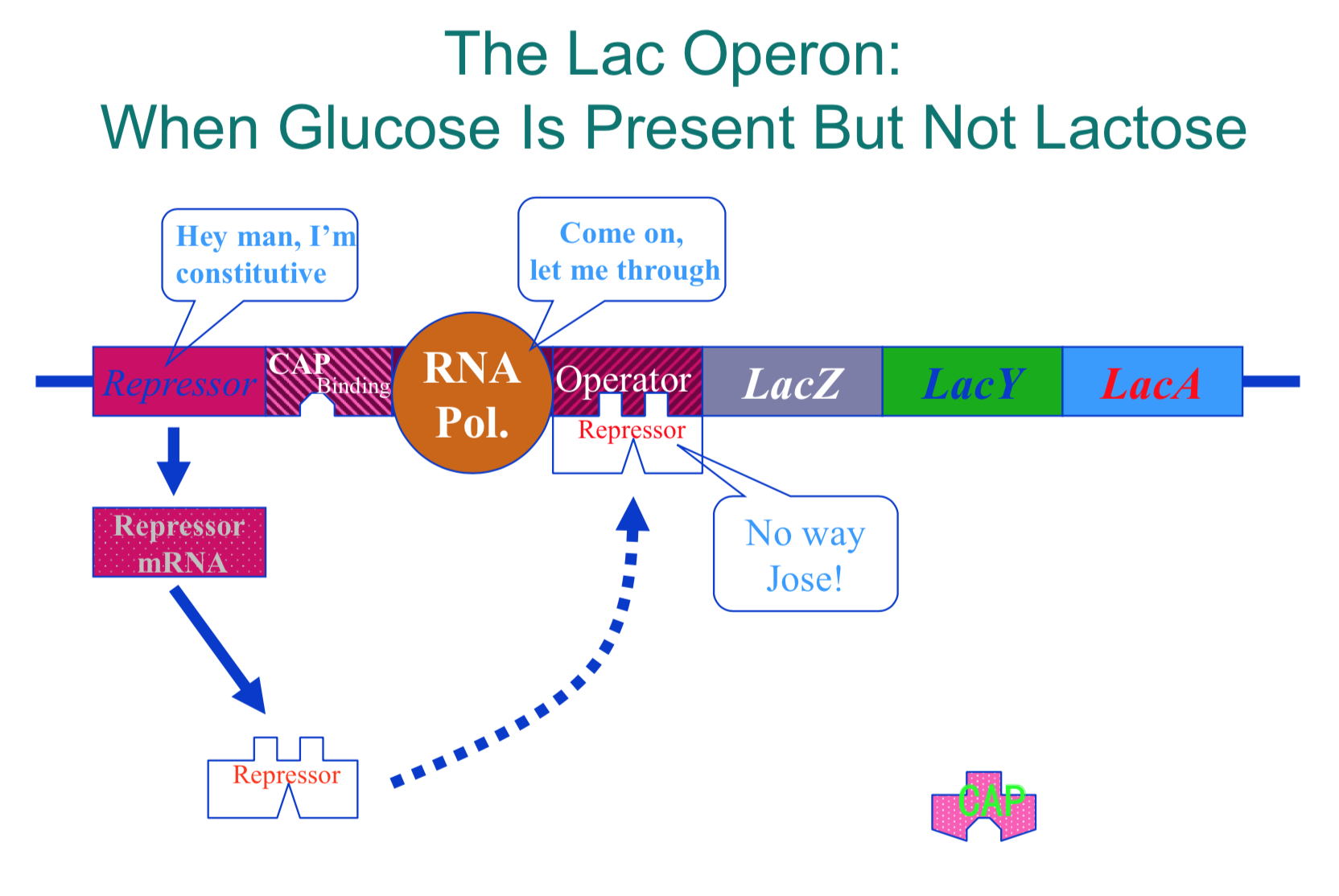
操纵序列（O区）：结合阻遏蛋白（异构乳糖可与之结合使阻遏蛋白离开操纵区）（属于负调控）

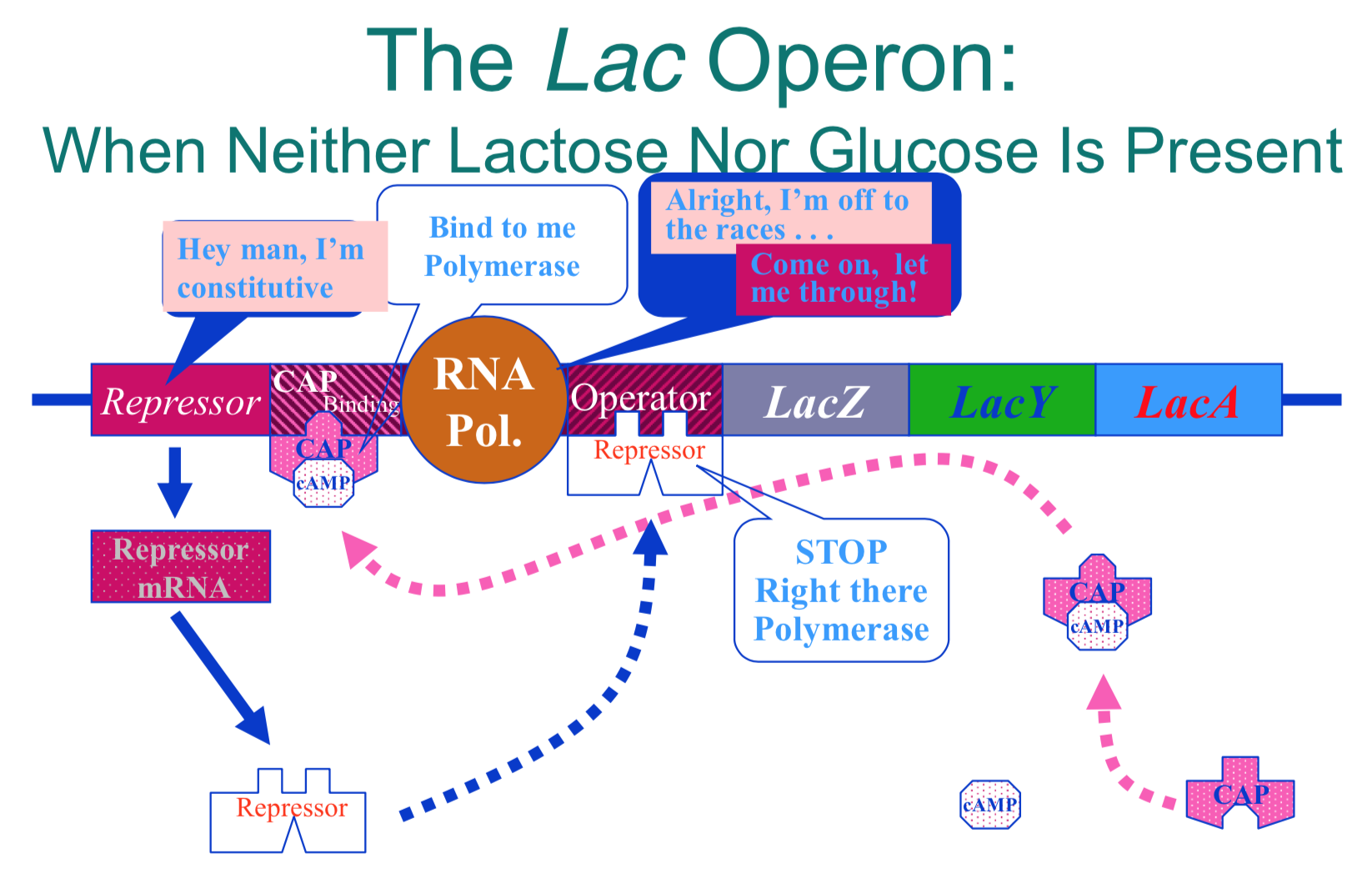
LacZ：编码β-半乳糖苷酶：将乳糖水解成葡萄糖和半乳糖（可生成异构乳糖）

LacY：编码β-半乳糖苷透过酶：使外界的β-半乳糖苷（如乳糖）能透过大肠杆菌细胞壁和原生质膜进入细胞内。

LacA：编码β-半乳糖苷乙酰基转移酶：乙酰辅酶A上的乙酰基转到β-半乳糖苷上，形成乙酰半乳糖。

2、运转机制





3、一些问题

①诱导物需要穿过细胞膜才能与阻遏物结合，而转运诱导物需要透过酶，后者的合成又需要诱导。

解释：一些透过酶可以在没有诱导物的情况下合成

②真正的诱导物是异构乳糖而非乳糖，前者是在β-半乳糖甘酶的催化下由乳糖形成的，因此，需要有β-半乳糖甘酶的预先存在。

解释：本底水平的组成型合成：非诱导状态下有少量的lac mRNA合成。

：葡萄糖对lac操纵子的阻遏作用称分解代谢阻遏，糖酵解的某些产物是腺苷酸环化酶（生成cAMP）的抑制剂。

lac基因产物数量上的比较 β-半乳糖苷酶：透过酶：乙酰基转移酶=1：0.5：0.2

原因如下：

（1）lac mRNA可能与翻译过程中的核糖体相脱离，从而终止蛋白质链的翻译；

（2）在lac mRNA分子内部，A基因比Z基因更容易受内切酶作用发生降解。

4、结论：单纯乳糖存在时，细菌利用乳糖作碳源；若有葡萄糖或葡萄糖/乳糖共同存在时，细菌首先利用葡萄糖。

二、色氨酸操纵子

1、结构

色氨酸操纵子的结构基因包括5个：trpE、D、C、B、A

在trpE前是启动子（promoter），操纵子（operater）及两个区（前导区、弱化子）

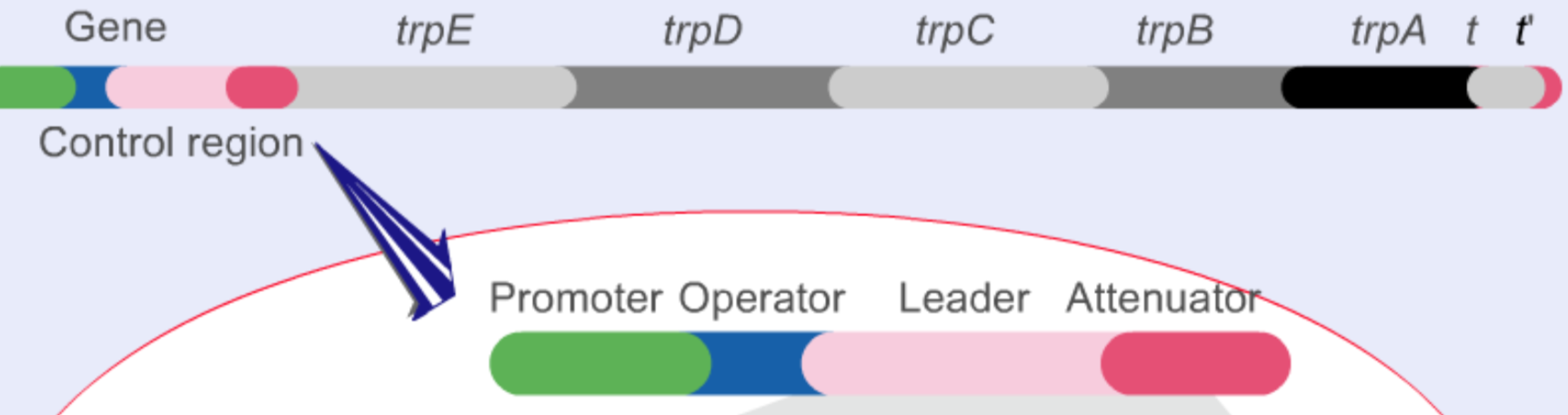
色氨酸操纵子中产生阻遏物基因为trpR，距trp结构基因较远

(1)trpR和trpABCDE不连锁；

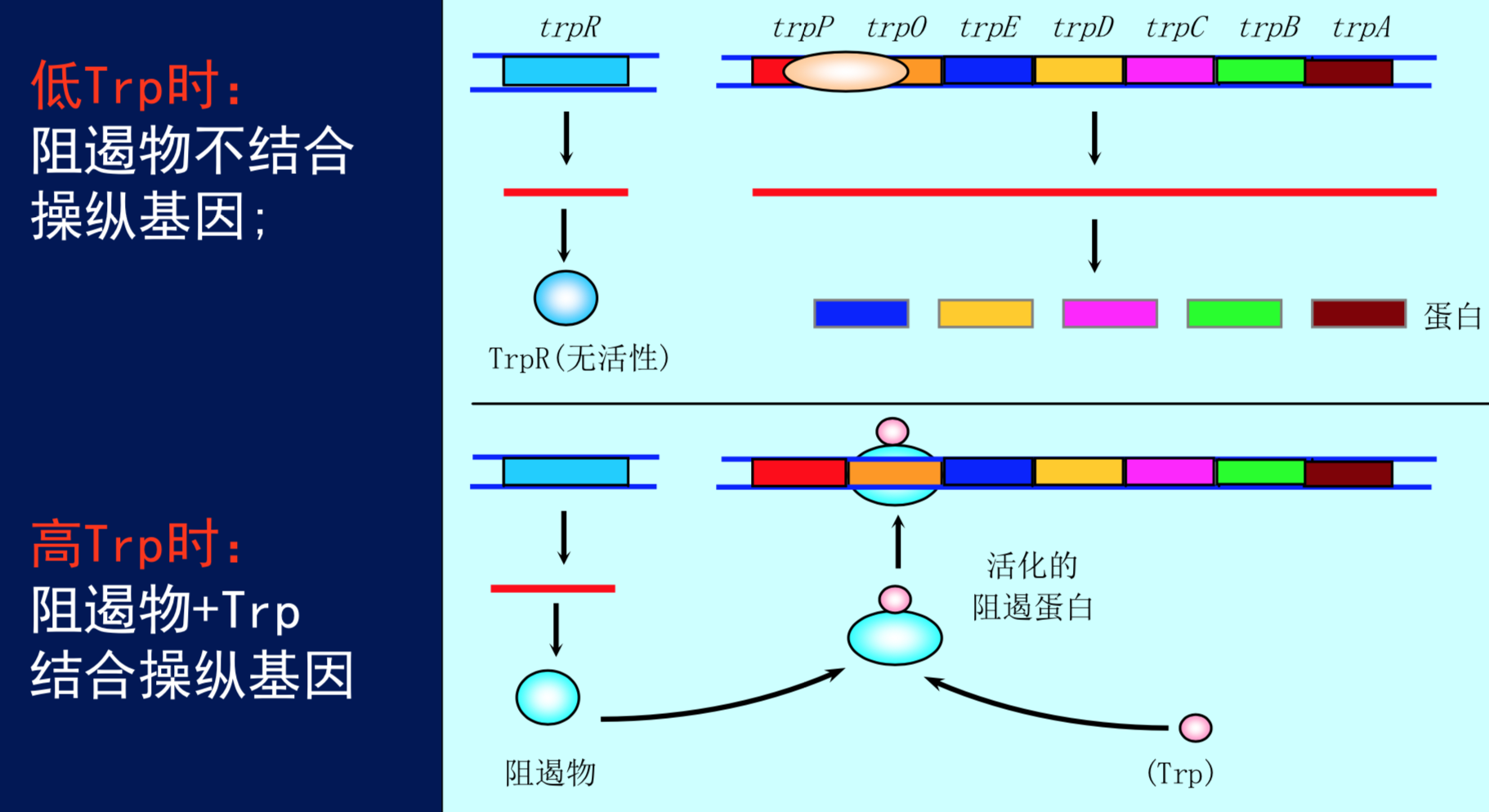
(2)操纵基因在启动子后

(3)有衰减子(attenuator)/弱化子

(4)启动子和结构基因不直接相连，二者被前导序列(Leader)所隔开



2、负控阻遏系统



3、trp操纵子的弱化作用（attenuation）

前导序列：在trp mRNA5'端trpE基因的起始密码前一个长162bp的mRNA片段，包括前导肽与弱化子，发现该区mRNA通过自我配对可以形成茎-环结构，有典型的终止子特点，其中有1、2、3、4等四个片段可以有两种配对方式，一个是2-3配对，这是一种抗终止构型；另一个是1-2、3-4配对，3-4属于终止转录发夹构型（位于终止密码识别区）。

弱化子：DNA中可导致转录过早终止的一段核甘酸序列，前导区中的3、4区段

前导肽：前导序列中除去弱化子的片段，在第10位与第11位有相邻的两个色氨酸密码子

作用机制：

trp浓度低➡️Trp-tRNATrp少➡️核糖体移动速度慢➡️核糖体停留在1、4区➡️2-3配对

trp浓度高➡️Trp-tRNATrp多➡️核糖体移动速度快➡️核糖体快速到达2区➡️3-4配对

弱化作用原因：

细菌通过弱化作用弥补阻遏作用的不足，因为阻遏作用只能使转录不起始，对于已经起始的转录，只能通过弱化作用使之中途停下来。阻遏作用的信号是细胞内色氨酸的多少；弱化作用的信号则是细胞内载有色氨酸的tRNA的多少。

4、遗传学模型

1）增强终止：前导肽合成起始密码子AUG突变为AUA，导致核糖体不能翻译前导肽，于是形成1-2，3-4稳定的二级结构，从而终止增强

2）突变恢复：如在3-4之间又发生一次突变或多聚U区在发生突变，使终止解除。

三、其他操纵子

1、半乳糖操纵子(galactose operon)双启动子

2、阿拉伯糖操纵子（arabinose operon）

第六章 真核生物基因表达调控

一、真核生物基因表达调控的种类

1、瞬时调控或称为可逆性调控，它相当于原核细胞对环境条件变化所做出的反应

2、发育调控或称不可逆调控，是真核基因调控的精髓部分，它决定了真核细胞生长、分化、发育的全部进程。

二、真核生物DNA水平上的基因表达调控

1、基因丢失：在细胞分化过程中，可以通过丢失掉某些基因而去除这些基因的活性

2、基因扩增：基因扩增是指某些基因的拷贝数专一性增大的现象，在短期内产生大量的基因产物以满足生长发育的需要，是基因活性调控的一种方式。

3、基因重排：将一个基因从远离启动子的地方移到距它很近的位点从而启动转录

4、DNA的甲基化与基因调控：CpG岛

5、染色质结构与基因表达调控

三、真核生物转录水平上的基因表达调控

1、真核基因转录

1）真核基因结构

2）顺式作用元件：启动子(TATABOX、CAATBOX、GCBOX)、增强子、沉默子

3）反式作用因子：能直接或间接地识别或结合在各类顺式作用元件核心序列上，参与调控靶基因转录效率的蛋白质。

2、结构

(1)DNA结合结构域：

a、螺旋-转折-螺旋

b、锌指结构(ZineFinger):由一个含有大约30个氨基酸的环和一个与环上的4个Cys或2个Cys和2个His配位的Zn构成，形成的结构像手指状

c、碱性-亮氨酸:亮氨酸之间相互作用形成二聚体，形成“拉链”。

肽链氨基端20～30个富含碱性氨基酸结构域与DNA结合。

d、碱性-螺旋-环-螺旋

3、信号转导

1）第一信使：细胞间信息物质是由细胞分泌的调节靶细胞生命活动的化学物质的统称，如生长因子、细胞因子、胰岛素等

2）第二信使：在细胞内传递信息的小分子物质，如：Ca2+、IP3、cAMP、cGMP等。

3）受体：是细胞膜上或细胞内能特别识别生物活性分子并与之结合的成分，如离子通道受体，G蛋白偶联受体和跨膜蛋白激酶受体等

4、蛋白质磷酸化介导的信息传递

（1）cAMP-蛋白激酶Ａ途径

（2）磷脂酰肌醇途径

（3）CaM激酶及MAP激酶

第七章 基因工程

一、基本操作流程：

1、获得目的基因：

一般来说，目的基因的克隆策略分为两大类：一类是构建感兴趣的生物个体的基因文库，然后建立合适的筛选模型从基因文库中挑出含有目的基因的重组克隆；另一类是利用PCR扩增技术/化学合成法体外合成目的基因。

2、构建表达载体：

基因工程中，通常是把外源DNA片断利用运载工具送入生物细胞，携带外源基因进入受体细胞的这种工具叫做载体。

常用的载体：质粒（Plasmid）、λ噬菌体载体、柯斯质粒（Cosmid）、单链DNA噬菌体M13、动物病毒、人工染色体(Artificial chromosome)

切割：限制性内切酶，I、II、III类等3种内切酶

连接：DNA连接酶，E.coli DNA连接酶，T4 DNA连接酶

3、导入受体细胞

转入：转化（化合物诱导转化法）、转染（磷酸钙转染法）、转导（病毒颗粒转导法）

筛选：载体遗传标记检测、克隆DNA序列检测、外源基因产物检测

4、获得转基因生物

5、基因表达与性能鉴定

表达：Trp 表达系统、Lac 表达系统；可溶型异源蛋白的表达、寡聚型异源蛋白的表达

6、总结

分（离目的基因）

切（割目的基因和载体）

接（连目的基因和载体）

转（入宿主细胞）

筛（选阳性克隆）

表（达目的基因）

**分子生物学复习资料**

第八章：RNA转录的剪接与加工

RNA加工（RNA processing）：新合成的前体RNA分子所经历的以及结构和二级结构等方面的修饰与成熟过程，他可能在转录一开始就已发生，并持续到转录完成之后。

1、原核生物的RNA加工：

rRNA：①5’端形成帽子结构；②3’形成多聚腺苷酸尾；③切去内含子和连接外显子（剪接）才能转变为成熟的RNA分子。

主要加工方式：核苷酸的切除；末端添加核苷酸；碱基或糖苷的修饰；

rRNA前体加工由RNA酶3催化，rRNA前体需先经甲基化修饰才能被内切核酸酶和外切酶切割。

tRNA：①由核酸内切酶在tRNA分子两端切断，使5’端成熟；②RNA外切酶从3’逐个切去附加序列；③在tRNA3’端添加-CCA；④核苷酸修饰和异构化。

tRNA分子前体以3种形式存在：①不同的tRNA串联排列；②多个相同tRNA串联排列；tRNA与rRNA混合串联排列；

mRNA：一般不需要加工

2、真核生物RNA的加工

目的：①真核生物的断裂基因含有内含子，必须将其剪切除才能行驶功能；②增加稳定性。

主要方式：加帽、加尾、剪切、修饰、编辑。

tRNA的3个过程：①内含子的剪切；②3’端添加CCA；③核苷酸修饰；

rRNA的4个过程：①在5’端切除非编码序列，生成41S中间产物；②R41S的RNA被切为两段，一段为32S，含28SrRNA和5.8SrRNA，另一端为20S，含18SrRNA；③32S剪切成28SrRNA和5.8SrRNA，28SrRNA和5.8SrRNA中的部分序列相互配对；④20S被剪切成18S。

mRNA前体含内含子剪切分三类：

①自我剪切内含子，结构特殊，无需酶或蛋白质参与能自发剪接。

②蛋白质（酶）参与剪接的内含子，主要存在于tRNA前体中，剪接过程在酶催化下完成。

③依赖snRNP剪接的内含子，绝大部分存在于细胞核的蛋白质基因中。

hnRNA（核内不均一RNA）结构特点：

①5’端有帽子结构；②3’端有polyA结构；③帽子结构下游有3个寡聚U区；④位于寡聚U区下游有重复序列；⑤有茎环结构，分布于编码区两侧；⑥编码区为非重复结构，有内含子。

mRNA的过程包括：①5’端形成帽子结构；②剪切链的3’端，添加polyA；③剪接除去由内含子转录而来的序列；RNA链内核苷酸甲基化。

帽子结构的功能：①保护mRNA免受核酸酶降解；②加强mRNA的可翻译性；③增强mRNA从细胞核到胞质的转运；④提高mRNA剪接效率。真核生物mRNA依靠帽结合蛋白识别帽子。

polyA长度因mRNA的种类不同而异，一般为40~200nt。

polyA功能：①保护mRNA，提高mRNA在细胞质中的稳定性；②增强mRNA的可翻译能力。真核细胞mRNA翻译时的polyA结合蛋白称为PABⅠ。

第九章：遗传密码与蛋白质的生命合成

1、相关概念

遗传密码：是指能反映核酸分子上的核苷酸顺序与蛋白质链上氨基酸的对应关系的碱基三联体。

密码子（codon）：在mRNA链上三个连续的核苷酸能够决定一个特定的氨基酸，这三个连续的核苷酸就是一个密码子。

可读框（ORF）是指核酸序列上从起始密码子A(U)TG到终止密码子(U)TAA/(U)TAG/(U)TCA的一段连续的密码子区域，一个可读框就是一个潜在的钱吗区。

重叠基因：一个基因的编码区部分或全部的与另一个基因的编码区重叠。

2、几种重要的密码子：

起始密码子：大多为AUG；少数为GUG。

终止密码子：UAA赭石密码子（ocher codon）；UAG琥珀密码子（amber codon）；UGA卵白石密码子（opal codon）。

3、遗传密码的简并性（degeneracy）：（还具有变偶性、通用性、变异性和防错系统）

同一种氨基酸具有两个或更多的密码子的现象称为密码子的简并性。对应同一种氨基酸的不同密码子称为同义密码子（synonymous codon）

生物学意义：可以减少有害突变，在物种的稳定上起着重要的作用。

4、二十种氨基酸及其缩写：

丙氨酸 Ala A 精氨酸 Arg R 天冬氨酸 Asp D 半胱氨酸 Cys C 谷氨酰胺 Gln Q 谷氨酸 Glu/Gln E 组氨酸 His H 异亮氨酸 Ile I 甘氨酸 Gly G 天冬酰胺 Asn N 亮氨酸 Leu L 赖氨酸 Lys K 甲硫氨酸 Met M 苯丙氨酸 Phe F 脯氨酸 Pro P 丝氨酸 Ser S 苏氨酸 Thr T 色氨酸 Trp W 酪氨酸 Tyr Y 缬氨酸 Val V。

5、蛋白质合成方向及几种参与其中的分子的重要功能。

合成方向：从mRNA的5’~3’

①mRNA：是蛋白质生物合成的模板；a、mRNA链的长度不一，因为其所编码的多肽链长度是不同的；b、其碱基组成与相应的DNA的碱基组成一致，即携带有来自DNA的遗传密码信息；c、在肽链合成时信使应与核糖体做短暂的结合；d、信使的半衰期很短，因此信使的代谢速度很快。

②tRNA：转运活化的氨基酸；三叶草构象（含有4个双联的茎和4个单链的环：DHU环、反密码子环、可变环、TφC环）；

第十章：原核生物基因表达调控

1、概念：

基因表达调控（gene regulation）：是生物体内调节基因表达的控制机制，是细胞中基因表达的过程在时间、空间上处于有序状态，并对环境条件的变化做出适当反映的复杂过程。

管家基因：某些基因的表达产物在细胞或生物体整个生命过程中都持续需要而必不可少。

结构基因（structural gene）：是编码蛋白质或RNA的基因。

调节基因（regulator gene）：是编码那些参与基因表达调控的RNA和蛋白质的特异DNA序列。

操纵基因（operator）：是操纵子的控制基因，在操纵子上一般与启动子相邻，通常处于开放状态，使RNA聚合酶能够通过它作用于启动子而启动转录。

阻遏蛋白（aporepressor）：是负调控系统中有调节基因编码的调节蛋白，他本身或与辅阻遏物一起结合到操纵基因上，阻遏操纵子结构基因的转录。

操纵子：是原核生物在分子水平上调控基因表达的单位，操纵子由调节基因、启动子、操纵基因和结构基因等功能序列组成。

2、原核基因表达调控的特点：

①调控主要发生在转录水平，有正负调控两种机制。

②原核生物基因表达调控存在于转录和翻译的起始、延伸和终止的每一步骤中。这种调控多以操纵子为单位进行。

③在转录水平上对基因表达的调控取决于DNA的结构、RNA聚合酶的功能、各种蛋白因子及其他小分子配基的相互作用。

第十一章：真核生物的基因表达调控

1、真核细胞基因表达调控的不同层次（7）：

①染色体和染色质水平上的结构变化与基因活化

②转录水平行的调控，包括基因的开与关，转录效率的高与低

③RNA加工水平上的调控，包括对初始转录产物的特异性剪接、修饰、活化、编辑等；

④转录后加工的产物在从细胞核向细胞质转运过程中所受到的调控

⑤翻译水平的控制，对哪一种mRNA结合核糖体进行翻译的选择以及蛋白质合成量的控制

⑥蛋白质合成以后选择性的被激活的控制，蛋白质和酶分子水平上的剪切、活性水平的控制

⑦控制mRNA的选择性降解的调控。以染色体和染色质的活性、转录、转录初始产物的加工、翻译等4个水平的调控更为重要。

2、短暂调控（short-term regulation）：是基因的表达被快速活化或封闭，活化因素主要是激素和生长因子，而不是营养物质。

长期调控（long-term regulation）：是指基因被永久性或者是半永久性的开启或关闭，从而不间断的、不可逆的改变细胞的生化特性，这些长期变化最终导致细胞的分化。

3、组蛋白的乙酰化：

组蛋白的乙酰化与基因活化，染色质变化以及基因表达水平密切相关。核小体上的核心组蛋白都能发生乙酰化修饰。组蛋白的乙酰化过程由组蛋白乙酰基转移酶（HAT）催化。一经发现了4种组蛋白乙酰基转移酶和5种组蛋白去乙酰化酶（HDAC）。

组蛋白的乙酰化-去乙酰化的生物功能：①乙酰化能促进基因转录的活性；②乙酰化与转录起始复合物的装配；③低乙酰化或去乙酰化常伴随着转录沉默。

4、DNA甲基化

动物基因组DNA中有2%~7%的C被甲基化修饰成Mc与其在5‘CG3’二核苷酸序列上，几乎所有的Mc与其在3’的鸟嘌呤以5’CpG3’的形式存在，占全部的CpG的50%~70%。

DNA甲基化是一个动态的修饰过程。甲基化对转录有抑制作用，通过甲基化DNA上结合特异性转录阻遏物，称为甲基化CpG结合蛋白而起作用。甲基化能影响DNA与蛋白之间的相互作用

DNA甲基化与转录抑制机理：

①识别位点中的胞嘧啶被甲基导致转录因子不能与其结合

②特异性识别甲基化DNA的答案白，竞争性抑制了转录因子的结合。

③DNA甲基化导致染色质结构和DNA构象改变

顺式调控元件（cis-regulating element）：指对基因表达有调控活性的DNA序列，其活性只影响同处于一个DNA分子上的基因。

反式作用因子（trans-acting factor）：通过识别和结合调控元件而调控靶基因转录效率的一组蛋白。

当两条链上的C都被甲基化时称为完全甲基化；一般在复制刚完成时，子链上的C呈非甲基化状态称为半甲基化。

**分子生物学名词解释**

**基因**：产生一条多肽链或功能RNA所需的全部核苷酸序列。

**基因组**：生物体有机体的单倍体细胞中的所有DNA，包括核中的染色体DNA和线粒体、叶绿体等亚细胞器中的DNA。资料个人收集整理，勿做商业用途

**C值**：通常是指一种生物单倍体基因组DNA的总量。

**C值矛盾**：生物基因组大小同生物在进化上所处地位的高低没有关系

**splicing gene**：即真核生物的结构基因，是有若干外显子和内含子相间排列的序列组成的，也称间隔基因或断裂基因。资料个人收集整理，勿做商业用途

**Exon（外显子）**：DNA与成熟RNA间的对应区域即氨基酸的编码区，非间隔区。

**Intron（内含子）**：DNA与成熟RNA间的非对应区域即氨基酸的非编码区，间隔区。

**DNA的呼吸现象**：DNA复制原点处氢键迅速断裂与再生，导致两条DNA链不断解链与聚合形成瞬间的单泡状结构的过程。资料个人收集整理，勿做商业用途

**转座元（transposon）**：DNA上可自主复制和位移的基本单元。

**返座元(retroposon)**：由RNA介导转座的转座元件，在结构和复制上与反转录病毒(retrovirus)类似，只是没有病毒感染必须的env基因，它通过转录合成mRNA,再逆转录合成新的元件整合到基因组中完成转座，每转座1次拷贝数就会增加1份，因此它是目前所知高等植物中数量最大的一类可活动遗传成分。资料个人收集整理，勿做商业用途

**nick translation（切刻平移）**：DNApolII具有3’向5’外切和5’向3’聚合活性，可切除冈崎片段的引物RNA，可通过加入同位素标记的dDTP作为DNA的标记。资料个人收集整理，勿做商业用途

**Replisome（复制体）**：由多种蛋白质组成的复合体，组装成复制叉去分解DNA。

**DNA复制（DNA Replication）**：亲代双链DNA分子在DNA聚合酶的作用下，分别以各单链DNA分子为模板，聚合与自身碱基互补配对的游离的dNPT，合成出两条与亲代DNA分子完全相同的子代DNA分子的过程。资料个人收集整理，勿做商业用途

**基因敲除（gene knockout）**：进行功能基因的研究，通过用失活基因经同源重组取代细胞中正常的同源基因，研究被取代基因缺失后的表型可知其功能。资料个人收集整理，勿做商业用途

**转座子标签（Transposon tagging）**：转座元的插入可造成基因ORF的断裂，使基因被插入失活，转座元的插入如Tn使该DNA区域带有标记基因可作为标签寻找功能基因。资料个人收集整理，勿做商业用途

**pseudogene（假基因）**：与正常基因结构相似，但丧失正常功能的DNA序列，往往存在于真核生物的多基因家族中。资料个人收集整理，勿做商业用途

**klenow酶**：指DNApolII经胰蛋白酶处理后的C-片段，其具有的3’向5’外切和5’向3’聚合活性。资料个人收集整理，勿做商业用途

**trans splicing（反式剪接）分子之间的一种剪接方式**：不同分子的exon相互连接形成新的分子——比较少见。资料个人收集整理，勿做商业用途

**Alternative splicing（可变剪接）**：50%的基因有这种剪接方式，剪接过程中选择性的保留或去除hnRNA中的某些序列（可能是存在多个 polyA3添加位点、或存在多个promoter位点；也可能是exon或intron的选择性保留）。资料个人收集整理，勿做商业用途

**Enhancer（增强子）**：真核生物中可提高邻近启动子利用率的顺式作用序列，其功能不受位置（上游或下游）和距离的影响。资料个人收集整理，勿做商业用途

**终止子（terminator）**：终止子是为RNApol提供转录终止信号的一段DNA序列，需要经过转录后形成茎环结构起作用。资料个人收集整理，勿做商业用途

**启动子（promoter）**：基因的一个组成部分，控制基因表达（转录）的起始时间和表达程度。

**S-Dsequence（S-D序列）**：是原核生物mRNA起始密码子AUG上游7~12Nt处存在一段rich(Pu)（AGGAGG）的区域，能被核糖体小亚基16srRNA识别并结合，可提高翻译效率。资料个人收集整理，勿做商业用途

**readthrough（通读）**：RNApol在终止子处不停止转录（ρ因子在RNApol停顿时无法及时赶上或其它抗终止因子的作用）的现象。资料个人收集整理，勿做商业用途

**gRNA(指导RNA）**：一类新的小分子RNA,可以和mRNA被剪辑的部分发生非常规的互补，G-U配对，对mRNA前体分子的编辑起了指导作用。资料个人收集整理，勿做商业用途

**RNA editing**：有些hnRNA剪接后不能立刻用于翻译，还要进行某些碱基的添加、删除或替换。

**Ribozyme(核酶)**：此类RNA自我剪接所必需的小分子能切割mRNA分子,已被用于基因表达的阻遏---阻止病毒的复制;杀死癌细胞; 通过基因表达的阻遏发现新基因的功能。资料个人收集整理，勿做商业用途

**密码子家族**一

**同工tRNA**：一种氨基酸可能有多个密码子，为了识别也就有多个tRNA,几个代表相同氨基酸的tRNA称为同工tRNA。资料个人收集整理，勿做商业用途

**同义密码**：同一氨基酸的密码子。

**错义突变**（missense mutation）：核苷酸发生改变后其编码的遗传信息发生改变编码其他的氨基酸。资料个人收集整理，勿做商业用途

**密码子**：mRNA上每3个核苷酸翻译成蛋白质多肽链上的一个氨基酸，这3个核苷酸就成为密码子。

**无义突变**（nonsense mutation）：核苷酸改变后变成无义密码,导致编码框提前终止。

**同义突变**（synpnymous mutation）：核苷酸突变后其所在密码子仍编码同一个氨基酸（密码子家族）。资料个人收集整理，勿做商业用途

**渗漏突变**（leaky mutation）：蛋白质部分失活。

**S-D序列**：原核mRNA5'端非翻译前导序列一段，作为核糖体的识别和结合位点，5’-AGGAGG-3

**Kozak序列**：在真核细胞，有效的起始依赖于围绕在起始密码子ATG上下游的一段叫Kozak序列的序列。资料个人收集整理，勿做商业用途

**ORF开放阅读框**：即从起始密码到终止密码之间的连续的三联体核苷酸序列。

**molecular chaperone(分子伴侣)**：是一类能协助初生多肽正确完成非共价折叠又不参与该蛋白质结构组成的蛋白质。资料个人收集整理，勿做商业用途

**多聚核糖体**：在一个mRNA分子中结合一定数目的单位核糖体称为多聚核糖体。

蛋白质剪接蛋白质内含子的其DNA序列与蛋白质外显子一起转录和翻译，产生一条多肽链，然后从肽链中切除与内含子对应的a.a序列，再把与外显子对应的氨基酸序列以肽键的形式连接起来，成为有功能的蛋白质。资料个人收集整理，勿做商业用途

**Intein**（蛋白质内含子）：一个蛋白质剪接元件，特点：①.切割位点保守②.具有自动切割加工能力③.具有核酸内切酶活性。资料个人收集整理，勿做商业用途

**extein** （蛋白质外显子）

1 cis-acting element(顺式作用元件)

2 trans-acting factor (反式作用因子)

**housekeeping gene(管家基因)**：在一个生物个体的几乎所有细胞中持续表达的基因，其产物能维持细胞的正常结构和功能。即组成性基因表达。资料个人收集整理，勿做商业用途

**luxury gene(奢侈基因)**：只在特定的细胞类型中表达的基因，赋予细胞特异性的功能。即诱导型表达。资料个人收集整理，勿做商业用途

**Gratuitous inducer**：这类小分子物质通常是operon编码的酶的底物，可被降解，一些诱导物的结构类似物也能产生诱导效应，这类物质不能作为编码产物的底物而被降解，称为安慰诱导物。资料个人收集整理，勿做商业用途

**诱导物（inducer）**：是一种小分子引发了基因转录约束性的调节蛋白。

**操纵元（operon）**：是一个单位的细菌基因表达调控，包括结构基因和控制中的DNA分子所承认的调节基因产物。资料个人收集整理，勿做商业用途

**阻遏蛋白（repressor）**：一些operon被调节蛋白结合后表达受到阻遏，这类调节蛋白即repressor资料个人收集整理，勿做商业用途

**Corepressor**：辅阻遏物小分子物质结合调节蛋白后导致operon的表达受到阻遏,即可阻遏操纵元（repressible operon）,这类小分子物质即Corepressor。资料个人收集整理，勿做商业用途

**癌基因（oncogene）**：表达或过量表达导致细胞癌变（转化），也称为转化基因（transforming gene）。资料个人收集整理，勿做商业用途

**抑癌基因(TSGs)**：又名隐性癌基因,是一种抑制细胞生长和肿瘤形成的基因。在生物体内与癌基因功能相抵抗，共同保持生物体内正负信号相互作用的稳定。资料个人收集整理，勿做商业用途

12 RNAi转录后基因沉默,即RNA干扰

13基因印迹(gene imprinting)

**肽核酸(PNA)**：是一类以多肽委骨架的核苷酸类似物,它独特的结构决定了独特的生化性质,具有很大的优越性,不带电荷,杂交特异性强,能抵抗核酸酶及蛋白酶的水解。资料个人收集整理，勿做商业用途

**反义RNA**( micRNA)

**空转反应**：是指当核糖体A位点存在空载tRNA时产生pppGpp和ppGpp的现象。

**α－互补**：载体带有lacZ基因5’部分，它编码β－半乳糖苷酶N-端的146个氨基酸，称为α－肽，载体转化的宿主细胞为lacZΔ15基因型，它表达β－半乳糖苷酶的C-端肽链，当载体与宿主细胞同时表达两个片段时，宿主细胞才有β－半乳糖苷酶活性，使特异的底物X-gal 变为兰色化合物，这就是所谓的α－互补。资料个人收集整理，勿做商业用途

**调控元（regulon）**：一个调节基因参与多个operon的调节（如SOS系统等）。

**本底组成型表达**：某些操纵元即使被阻遏蛋白结合或无诱导蛋白存在时结构基因也出现低水平表达,这种低水平的表达也叫作本底组成型合成。资料个人收集整理，勿做商业用途

**基因座位控制区(LCR）**：能使基因在任何位置都表达，具有稳定染色质疏松结构的功能。它与相应的蛋白质因子相互作用可使染色质去组蛋白，保证复制时TF仍与启动子结合。资料个人收集整理，勿做商业用途

**隔离子（insulator）**：能将染色体分割成互不影响的功能区域得顺式元件，防止阻遏状态或活化状态染色质结构域向两端扩展。资料个人收集整理，勿做商业用途

**RFLP**(限制性内切酶片段长度多态性)：RFLP标记是发展最早的DNA标记技术,指基因型之间限制性片段长度的差异，这种差异是由限制性酶切位点上碱基的插入、缺失、失重排或点突变所引起的。资料个人收集整理，勿做商业用途

**RAPD**(随机扩增多态性DNA)：是建立在PCR基础之上的一种可对整个未知序列的基因组进行多态性分析的分子技术,可用来鉴别个体，常规遗传学分析，群体遗传的研究。多用于植物基因组作图。资料个人收集整理，勿做商业用途

**AFLP**：对基因组DNA进行酶切，连上双链人工接头，根据接头的核苷酸序列和酶切位点设计引物，进行选择性扩增。它将RAPD随机性和专一性扩增巧妙结合，再选用内切酶以达选择的目的,结合了RFLP和PCR技术的特点，具有RFLP技术的可靠性和PCR技术高效性。资料个人收集整理，勿做商业用途

**SNP**(单个核苷酸的多态性)：在不同个体之的基因组之间某一位点的单个碱基不同，在群体中形成了多态性。

**变性**：加热或用碱处理双链DNA，使氢链断裂，结果DNA变成为单链。

**复性**：也称为退火,变性DNA 在适当条件下,二条互补链全部或部分恢复到天然双螺旋结构的现象,它是变性的一种逆转过程。资料个人收集整理，勿做商业用途

**Tm值**：双链DNA变性中点时的温度。

**分子杂交**：来源不同的两条单链核酸分子通过碱基互补形成异源双螺旋分子。

**反向遗传学**：在已知基因序列的基础上研究基因的生物学规律，通过功能丧失突变体研究其表型效应。通过同源重组，用突变的基因取代野生型基因，导致功能丧失突变体，进行反向遗传学研究。资料个人收集整理，勿做商业用途

## 第一章名词解释

1.**基因（gene）**  是贮存遗传信息的核酸（DNA或RNA）片段，包括编码RNA和蛋白质的结构基因以及转录调控序列两部分。

2. **结构基因（structural gene）**指基因中编码RNA和蛋白质的核苷酸序列。它们在原核生物中连续排列，在真核生物中则间断排列。

3. **断裂基因（split gene** 真核生物的结构基因中，编码区与非编码区间隔排列。

4. **外显子（exon）**指在真核生物的断裂基因及其成熟RNA中都存在的核酸序列。

5. **内含子（intron）** 指在真核生物的断裂基因及其初级转录产物中出现，但在成熟RNA中被剪接除去的核酸序列。

6. **多顺反子RNA（polycistronic/multicistronic RNA）** 一个RNA分子上包含几个结构基因的转录产物。原核生物的绝大多数基因和真核生物的个别基因可转录生成多顺反子RNA。

7. **单顺反子RNA（monocistronic RNA）** 一个RNA分子上只包含一个结构基因的转录产物。真核生物的绝大多数基因和原核生物的个别基因可转录生成单顺反子RNA。

8. **核不均一RNA（heterogeneous nuclear RNA, hnRNA）**是真核生物细胞核内的转录初始产物，含有外显子和内含子转录的序列，分子量大小不均一，经一系列转录后加工变为成熟mRNA。

9. **开放阅读框（open reading frame, ORF）**mRNA分子上从起始密码子到终止密码子之间的核苷酸（碱基）序列，编码一个特定的多肽链。

10. **密码子（codon）** mRNA分子的开放读框内从5' 到3' 方向每3个相邻的核苷酸（碱基）为一组，编码多肽链中的20种氨基酸残基，或者代表翻译起始以及翻译终止信息。

11. **反密码子（anticodon）**指tRNA分子反密码环中间3个相邻的核苷酸（碱基），它们与mRNA上的三联体密码子互补配对，确保蛋白质合成时氨基酸按照密码子对号入座。

13. **启动子（promoter）**指结构基因的转录起始位点附近的一段DNA序列，它结合RNA聚合酶（真核生物还需要结合其他蛋白质因子）后能够开放基因转录。

14.**增强子（enhancer）**  指真核生物的一段DNA序列，不具有方向性，距离结构基因可远可近（甚至可以位于内含子）。它与某些蛋白质因子结合后，通常能够增强启动子的转录活性，有时也可以抑制转录。

15. **核酶（ribozyme）**  指具有催化活性的RNA，其作用底物是RNA，主要参与RNA的加工成熟。

16. **核内小分子RNA（small nuclear RNA, snRNA）**真核细胞核内富含尿嘧啶的小分子RNA，共有U1~U10十种。常与蛋白质结合形成小分子细胞核内核蛋白颗粒（snRNP），参与mRNA的剪接加工。

17. **信号识别颗粒（signal recognition particle, SRP）** 是细胞质内的一种小分子RNA（7SL RNA）和蛋白质组成的复合体，能够识别并结合信号肽，参与分泌性蛋白的加工。

18. **上游启动子元件（upstream promoter element）** 真核生物启动子上游的一些DNA序列，包括CAAT盒、CACA盒、GC盒等，它们构成启动子的一部分，通过与转录因子结合提高转录效率。

19. **同义突变（same sense mutation）** 遗传密码具有简并性，故某些基因突变不改变编码的氨基酸序列，称为同义突变。

20. **错义突变（missense mutation）** 基因突变使某一密码子编码的氨基酸发生改变，多肽链中的氨基酸序列相应改变。

21. **无义突变（nonsense mutation）** 基因突变使原来编码某种氨基酸的密码子变为终止密码子，导致多肽链合成提前终止。

22. **移码突变（frame-shifting mutation）** 基因的缺失突变或插入突变引起三联体密码阅读的方式发生改变，编码出具有不同一级结构的多肽链。

23. **转换（transition）**指嘌呤取代嘌呤、嘧啶取代嘧啶的点突变，有4种转换形式。

24. **颠换（transversion**指嘌呤取代嘧啶、嘧啶取代嘌呤的点突变，有8种颠换形式。

**第二章名词解释**

1．**基因组（genome）**细胞或生物体中，一套完整单倍体的遗传物质的总和。如真核细胞基因组包含细胞核染色体DNA及线粒体DNA，原核细胞基因组包括染色体DNA和质粒DNA。

2．**质粒（plasmid）**  细菌细胞内的、染色体外的DNA分子，是共价闭合的环状DNA分子，能够独立于细胞的染色质DNA而进行复制。

5．**断裂基因（split gene）**  真核生物的结构基因中，编码区与非编码区间隔排列。

6． **假基因（pseudogene）**与有功能的基因同源，但不能产生有功能的基因产物的基因。

9．**卫星DNA（satellite DNA）** 是基因组中的一种高度重复序列，其重复单位一般由2~10 bp组成，成串排列，具有调节基因的复制和转录等功能。

10. **单拷贝序列（single copy sequence）**在整个基因组只出现一次或很少的几次，绝大多数真核生物蛋白质的编码基因为单拷贝序列。

**第三章名词解释**

**核酶**：具有酶促活性的RNA称为核酶

**复制**：是指遗传物质的传代，以母链DNA为模板合成子链DNA的过程。

**半保留复制**：DNA生物合成时，母链DNA解开为两股单链，各自作为模板按碱基配对规律，合成与模板互补的子链。子代细胞的DNA，一股单链从亲代完整地接受过来，另一股单链则完全从新合成。两个子细胞的DNA都和亲代DNA碱基序列一致。这种复制方式称为半保留复制。

**双向复制**：原核生物复制时，DNA从起始点向两个方向解链，形成两个延伸方向相反的复制叉，称为双向复制。

**引发体**：是在DNA复制起始阶段形成的，含有解螺旋酶、DnaC蛋白、引物酶和DNA复制起始区域的复合结构。

**复制子**：独立完成复制的功能单位，是从复制起点到复制终点之间的片段。

**冈崎片段**：DNA复制时，随从链复制中形成的不连续片段。

复制叉：DNA双链解开分成两段，各自作为模板，子链沿模板延长所形成的Y字型结构称为复制叉。

**半不连续复制**：领头链连续复制而随从链不连续复制称为半不连续复制。

**逆转录**：以RNA为模板在逆转录酶的催化下合成DNA的过程。

端粒：指真核生物染色体线性DNA分子末端的结构，形态上使染色体末端膨大成粒状。

**转录起始复合物**：原核生物RNA聚合酶全酶、转录出的pppGpN-产物与模板DNA结合形成的复合物。   
**边界序列**：真核生物内含子都以GU为5’端起始，AG为3’端。5’-GU…AG-OH3’称为边界序列，也称剪接接口。

**剪接**：将RNA分子中的内含子除掉，使外显子连接在一起的加工过程。

**启动子**：是RNA聚合酶结合的、在转录起始点上游的DNA序列。如不受阻遏，RNA聚合酶与之结合后即可启动转录。

**中心法则**：遗传信息从DNA向RNA再向蛋白质传递的规律。

**转录空泡**：即转录复合物，由RNA聚合酶的核酶以及其模板DNA、转录出的产物构成。

**沉默子**：真核顺式作用元件中的负性调节元件，当其结合特异蛋白因子时，对转录起阻遏作用。

**断裂基因**：真核生物的结构基因，由若干个编码区和非编码区互相间隔开但又连续镶嵌，去除非编码区再连接后，可翻译出连续氨基酸组成的完整蛋白质。这些基因称为断裂基因。

**第四章 名词解释**

1.   **碱基类似物（base analogue）**  是一类与正常碱基结构类似的化合物，在DNA复制时可取代正常碱基掺入并与互补链上碱基配对，从而引起碱基对的置换。

2.  **自由基 （free radical）**   指能够独立存在，核外带有未配对电子的原子或分子。

3.   **重组修复（recombination repairing）**  指依靠重组酶系将另一段未受损伤的DNA移到损伤部位，提供正确的模板，进行修复的过程。

4.     **胸腺嘧啶二聚体（thymine dimer TT）**在紫外线照射下，相邻的两个DNA分子上的胸腺嘧啶之间共价结合而成的。

5.   **DNA交联 （DNA cross-linking）**  DNA双螺旋上的碱基之间或与蛋白质分子之间共价结合。

6.     **着色性干皮病（xeroderma pigmentosum）**DNA损伤修复缺陷而造成的一种遗传性疾病，患者有较高的皮肤癌发病倾向。对该病研究，发现了一些与切除损伤部位有关的蛋白质，称为XP蛋白。

7.     **光复活酶（photolyase）**可被紫外线激活而结合到嘧啶二聚体部位使之解聚的酶。

8.     **错配修复（mismatch repairing）**是碱基切除修复的一种特殊形式，可纠正复制和重组中的碱基配对错误及因碱基损伤所致的碱基配对错误、碱基插入、缺失等损伤。

9.    **活性氧（active oxygen species）**  较O2的化学性质更为活泼的O2的代谢产物或由其衍生的含氧物质，包括  .O2-、.OH、H2O2等

10. **移码突变（frame-shifting mutation）** 在编码序列中，单个碱基、数个碱基及片段的缺失/插入可以使突变位点之后的三联体密码阅读框发生改变，不能编码原来的蛋白质。

11. **颠换与转换（transversion and transition）** DNA链中一种嘌呤被另一种嘌呤取代，或嘧啶被另一种嘧啶所取代，称为转换。嘌呤被嘧啶取代或反之，称为颠换。

**第五章名词解释**

1.     **基因表达（gene expression）**指基因转录及翻译的过程，基因表达的最终产物是蛋白质或者rRNA、tRNA等。管家基因是组成性表达，而可调节基因的表达具有时空特异性。

2.    **不对称转录（asymmetric transcription）** 对于一个基因而言，转录的模板链仅仅是DNA双螺旋中的一条单链。对于多个基因而言，模板链可以位于DNA分子的不同单链上，由于模板始终是沿3' 至5' 方向，故DNA两股链上的基因转录方向相反。

3.   **翻译（translation）** 由tRNA运输氨基酸、在核糖体上根据mRNA的三联体密码顺序合成多肽链的过程。此过程耗能，并且需要多种蛋白质因子参与。

4.     **TATA盒（TATA box）** 真核生物转录起始点上游与RNA聚合酶、基本转录因子相结合的DNA片段，含有TATA共有序列，是II类启动子的重要组成部分，又称为Hogness盒。

5.    **. 套索RNA（lariat RNA）** 细胞核中初级转录产物hnRNA在去除内含子时，剪接体使内含子区段弯曲成套索状，称为套索RNA，由此相邻外显子可相互靠近并发生转酯反应。

7. **RNA编辑（RNA editing）** 指细胞核中初级转录产物hnRNA的序列改变，使C变为U或者A变为G，结果一个基因表达产生不止一种蛋白质，增加了遗传信息容量。

8. **密码子的简并性（degeneracy）** 三联体密码的第1、2位碱基相同而第3位碱基不同时，仍可编码相同氨基酸。通常氨基酸可以有2～6种密码子为之编码（例外：Met和Trp只有1种密码子）。

9.  **密码子的摆动性（wobble）** mRNA密码子的第3位碱基与tRNA反密码子的第1位碱基不严格遵守碱基配对规律，可使1种tRNA识别mRNA的几种简并性密码子。

10. **SD序列（Shine-Dalgarno sequence）** 即原核生物mRNA的核糖体结合位点，是指起始密码上游富含嘌呤的短序列，能够与30S亚基的16SrRNA 3' 端富含嘧啶的短序列互补结合，与翻译起始复合物的形成有关。

11. **多聚核糖体（polyribosome）** 1个mRNA分子能够结合多个核糖体，同时进行翻译。原核生物和真核生物都存在这种现象，以提高蛋白质合成效率。

12.  **核糖体循环（ribosome cycle）**狭义含义是指翻译延长阶段，即每加一个氨基酸经过进位、成肽和转位三步骤。广义含义是指翻译起始、延长和终止的全过程，核糖体可以循环使用。

13.  **分子伴侣（molecular chaperon）**帮助新生多肽链折叠成天然空间构象的一类保守蛋白质（如热休克蛋白），在原核细胞和真核细胞中广泛存在。

14. **信号肽（signal peptide）** 是分泌性蛋白N端的特征性氨基酸序列，由碱性氨基酸区、疏水氨基酸区和剪切位点组成，能够与细胞液中的信号肽识别颗粒相结合，使蛋白质进入分泌转运途径。

**第六章名词解释**

1. **管家基因（housekeeping gene）**    在生物体几乎所有的细胞中持续表达的基因，往往编码维持细胞基本结构与功能的蛋白质。

2.   **可调节基因（regulated gene）**  非维持细胞生存所必需，仅在特定条件下特异性表达的基因，表现为基因表达的时间（阶段）特异性和空间（组织）特异性。

3.     **顺式作用元件（cis-acting element）**指调控真核生物结构基因转录的DNA序列，包括启动子、上游启动子元件、增强子、加尾信号和反应元件等。它们通过与反式作用因子相互作用来发挥转录调控作用。

4.    **反式作用因子（trans-acting factors）/转录因子（transcription factor, TF）** 指真核基因的转录调节蛋白，包含DNA结合结构域和转录激活结构域。它们与顺式作用元件、RNA聚合酶相互作用，以及转录因子之间相互协同或者拮抗，反式调控另一基因的转录。

5.   **基础转录因子（basal/general transcription factor）**  与RNA聚合酶、启动子直接结合的真核转录调节蛋白，是转录起始复合物的最基本组件，基本不受环境因素影响。

6.    **特异转录因子（special transcription factor）**与转录非核心元件、基础转录因子等相结合的真核转录调节蛋白，通过核酸－蛋白质、蛋白质－蛋白质相互作用影响转录效率，发挥转录激活或者转录抑制效应，可以对环境变化迅速作出反应。

7.      **操纵子（operon）**

原核生物绝大多数基因按照功能相关性成簇串联排列，与启动子、操纵基因等调控元件共同组成一个转录单位，实现协调表达。

8.      **衰减（attenuation）**是原核生物中由核蛋白体调控转录终止的方式。转录起始后由于翻译偶联，核蛋白体所处的位置影响着转录出的先导mRNA的二级结构，从而控制RNA聚合酶是否继续进行转录。典型的例子是色氨酸操纵子的衰减作用。

9.      **锌指（zinc finger）结构** 是真核细胞转录因子的DNA结合结构域的一种结构形式，包含数个相同的指结构，每个指结构含有β2α等结构形式，其中4个残基（Cys2/ His2或者Cys2/ Cys2）与锌离子形成配位键。锌指结构的指尖部分能够嵌入DNA双螺旋的大沟。

10. **亮氨酸拉链（leucine zipper）结构**是真核细胞转录因子的DNA结合结构域的一种结构形式，指周期性地每隔4～7个残基出现1个Leu残基，形成兼性α－螺旋，具有极性氨基酸残基形成的亲水面和Leu残基形成的疏水面。两条具有此结构域的多肽链之间通过Leu的疏水侧链结合成二聚体，形成犬牙交错的拉链状。α－螺旋N端的碱性氨基酸介导该蛋白质与DNA相结合。

**第十章名词解释**

2. **单基因病(monogenic disease)**，指由单个基因突变所引起的疾病，而所谓单个基因在这里是指位于一对同源染色体上的单个或一对等位基因。

3. **多基因病(polygenic disease)**指由两对或两对以上基因和环境因素共同作用所导致的疾病，也称为复杂性状疾病。多基因病的发病率要较单基因病等其他遗传病高，故常见病和多发病均属此类。

4. **座位异质性(locus heterogeneity)**由不同基因突变引起相同遗传表型（如遗传病）的现象，也称遗传异质性。

5. **早现(anticipation)**即早现遗传，指在世代相传的过程中遗传病的发病年龄越来越早，病情越来越重的现象，是动态突变导致的。

6. **母系遗传(maternal inheritance)**  是一类由位于细胞质中的线粒体基因突变所引起的线粒体遗传病，因其随母亲的卵细胞遗传给下一代，故被称为母系遗传。

7. **动态突变(dynamic mutation)**指由于DNA中的核苷酸重复序列（主要以三核苷酸形式）拷贝数发生扩增所引起的突变。

8. **易感基因(susceptibility gene)**指那些与复杂性状疾病发生相关的微效基因。

9. **易患性(liability)**指由遗传和环境因素共同作用所决定的个体发生多基因病的可能性。

10. **遗传率(heritability)** 指遗传因素在多基因遗传病发生中所起作用大小的程度，也称遗传度或遗传力，常用百分率（％）表示。例如，遗传率为70％－80％，就代表由遗传因素所决定的易患性变异和发病占到整个遗传与环境因素总和的70％－80％。

**第十一章名词解释**

1.   **病毒癌基因（virus oncogene，v-onc）**    反转录病毒中一些能在体外转化细胞，在体内使宿主患肿瘤的基因。

2. **细胞癌基因（cellular oncogene, proto-oncogene）**正常宿主细胞中与病毒癌基因同源的基因，往往编码生长因子或其他信号转 导分子，为细胞生长所必需；只有特定条件下被活化后才有致癌性，又称为原癌基因。

3. **抑癌基因（tumor suppressor gene）**一类编码产物起抑制细胞增殖信号转导、负性调节细胞周期的作用，从而抑制细胞增殖和抑制肿瘤生成的基因。

4.     **细胞凋亡（apoptosis）**  在生理或病理状态下，由细胞内特定基因的程序性表达而介导的细胞死亡。

5. **显性负突变 (dominant-negative mutation)**突变基因编码的异常蛋白质与正常等位基因编码的蛋白质形成杂合寡聚 物复合体，从而使整个蛋白复合体的功能失效，这种突变基因的作用方式属于显性负突变。

6.     **DNA错配修复基因 (DNA mismatch repair genes)**  负责修复DNA复制时产生错配的一类抑癌基因。

7.     **点突变 (point mutation)**  基因在放射线或化学致癌物的作用下可发生单个碱基的改变。

8.     **染色体易位 (chromosomal translocation)**  不同染色体断裂后重新连接时产生的不正确连接。

9.      **基因扩增 (gene amplification)**  细胞通过增加基因拷贝数，使表达产物增多的过程。

10.   **血管生成 (angiogenesis)**  在原有血管基础上以芽生和非芽生方式形成新血管的过程。

**第十九章名词解释**

二）名词解释

**1．基因克隆（gene cloning）**指把一个生物体中的遗传信息（基因片段）转入另一个生物体内进行无性繁殖，得到一群完全相同的基因片段，又称为DNA克隆。

2．**基因组文库（genomic DNA library）**指含有某种生物体全部基因片段的重组DNA克隆群体。即将原核或真核细胞染色体DNA提纯，用机械法或限制性内切酶将染色体DNA切割成大小不等的片段，插入适当的克隆载体中，继而转入受体菌扩增，由此获得含有众多克隆的基因组DNA文库。

3．**cDNA文库（cDNA library**指含有某种组织细胞全部mRNA信息的重组DNA克隆群体。以细胞总mRNA为模板，利用逆转录酶合成与mRNA互补的cDNA第一链，进而形成cDNA双链，与合适载体连接后转入受体菌扩增，由此建立cDNA文库。

4．**转基因动物(transgenic animal)**指应用转基因技术培育出的携带外源基因的动物，是通过gain of function途径研究基因功能的重要手段。将外源基因导入受精卵细胞或胚胎干细胞核内，使外源基因通过随机重组插入受体细胞的基因组中，并随细胞分裂而将外源基因遗传给后代。

5．**基因剔除（gene knockout）**指通过基因同源重组定向地从活细胞的基因组中移除特定基因的过程，是通过loss of function途径研究基因功能的重要手段。

6．**RNA干扰（RNA interference，RNAi**由短双链RNA诱导同源RNA降解的过程，是一种特异的转录后基因沉默现象，可以认为是生物体在核酸水平的免疫反应。

7．**Southern印迹（Southern blotting）**是DNA定性及定量分析的方法之一，过程为 提取细胞中的总DNA，用限制性内切酶水解后进行电泳，并转移到硝酸纤维素膜上，用DNA探针与结合在膜上的DNA分子退火形成双链，检测靶DNA的含量。

8．**Northern印迹（Northern blotting**是RNA定性及定量分析的方法之一，过程为 将细胞中的总RNA分子进行电泳分离，并转移到硝酸纤维素膜上，用DNA探针与结合在膜上的RNA分子退火形成双链，检测靶RNA的含量。

9．**反转录PCR（reverse-transcription PCR, RT-PCR）**提取细胞总RNA作为模板，由逆转录酶催化生成cDNA。再以cDNA为模板，由一对特异性引物引发，在*Taq* DNA聚合酶作用下，通过变性、复性、延伸三步循环，复制生成大量双链DNA片段的过程。

10．**核酶（ribozyme）**是具有酶活性的RNA，主要参与RNA的加工与成熟。

单纯的课本内容，并不能满足学生的需要，通过补充，达到内容的完善

教育之通病是教用脑的人不用手，不教用手的人用脑，所以一无所能。教育革命的对策是手脑联盟，结果是手与脑的力量都可以大到不可思议。

1. **染色体与DNA**

**名词解释**

**原癌基因：**细胞内与细胞增殖相关的正常基因，是维持机体正常生命活动所必须的，在进化上高等保守。 当原癌基因的结构或调控区发生变异，基因产物增多或活性增强时，使细胞过度增殖，从而形成肿瘤。

**复制**：以亲代DNA或RNA为模板，根据碱基配对的原则，在一系列酶的作用下，生成与亲代相同的子代DNA或RNA的过程。

**转座子** (transposon 或 transposable element)：位于染色体DNA上可自主复制和位移的基本单位。包括插入序列和复合转座子。

**半保留复制：**以亲代DNA双链为模板以碱基互补方式合成子代DNA，这样新形成的子代DNA中，一条链来自亲代DNA，而另一条链则是新合成的，这种复制方式叫半保留复制。

**染色体：** 染色体是遗传信息的载体，由DNA、RNA和蛋白质构成，其形态和数目具有种系的特性。在细胞间期核中，以染色质形式存在。在细胞分裂时，染色质丝经过螺旋化、折叠、包装成为染色体，为显微镜下可见的具不同形状的小体。

核小体：是构成真核生物染色体的基本单位，是DNA和蛋白质构成的紧密结构形式，包括200bp左右的DNA和9个组蛋白分子构成的致密结构。

**填空题**

1.真核细胞核小体的组成是 DNA和 蛋白

2.天然染色体末端不能与其他染色体断裂片段发生连接，这是因为天然染色体末端存在端粒结构。

3.在聚合酶链反应中，除了需要模板DNA外，还需加入引物、DNA聚合酶、dNTP和镁离子。

4.引起DNA损伤的因素有自发因素、物理因素、化学因素。

5.DNA复制时与DNA解链有关的酶和蛋白质有拓扑异构酶Ⅱ、解螺旋酶、单链DNA结合蛋白。

6.参与DNA切除修复的酶有DNA聚合酶Ⅰ、DNA连接酶、特异的核酸内切酶。

7.在真核生物中DNA复制的主要酶是DNA聚合酶δ。在原核生物中是DNA聚合酶Ⅲ。

8.端粒酶是端粒酶是含一段RNA的逆转录酶。

9.DNA的修复方式有错配修复、碱基切除修复、核苷酸切除修复、DNA的直接修复。

**选择题**

1.真核生物复制起点的特征包括（B）

A. 富含G-C区 B. 富含A-T区 C. Z-DNA D. 无明显特征

2.插入序列（IS）编码（A）

A.转座酶 B.逆转录酶 C. DNA合成酶 D.核糖核酸酶

3.紫外线照射对DNA分子的损伤主要是(D)

A.碱基替换 B.磷酸脂键断裂 C。碱基丢失 D.形成共价连接的嘧啶二聚体

4.自然界中以DNA为遗传物质的大多数生物DNA的复制方式（C）

A.环式 B.D环式 C.半保留 D.全保留

5.原核生物基因组中没有（A）

A.内含子 B.外显子 C.转录因子 D.插入序列

6.关于组蛋白下列说法正确的是(D)

A.为中性蛋白 B.为酸性蛋白 C.进化上不具保守性 D.染色体结合蛋白

7.DNA聚合酶Ⅰ（C）

A.是复制酶，但不是修复酶 B.没有模板依赖性 C.有5′→3′外切酶活性

D. 5′→3′聚合酶活性极强

**简述DNA复制的过程**

DNA的复制过程可被分为3个阶段，即复制的起始、延伸和终止。每个DNA复制的独立单元主要包括复制起始位点和终止位点。

DNA复制的起始包括预引发和引发两个阶段。在预引发阶段，DNA解旋解链，形成复制叉，引发体组装；在引发阶段，在引发酶的催化下以DNA链为模板合成一段短的RNA引物。复制时DNA链的延伸由DNA聚合酶催化，以亲代DNA链为模板，引发体移动，从5′→3′方向聚合子代DNA链。当子链延伸到达终止位点是，DNA复制就终止了，切除RNA引物，填补缺口，在DNA连接酶的催化下将相邻的冈崎片段连接起来形成完整的DNA长链。

**试述真原核生物的DNA复制的特点的不同之处**

①真核生物染色体有多个复制起点，多复制眼，呈双向复制，多复制子。原核生物的染色体只有一个复制起点，单复制子也呈双向复制。

②真核生物冈崎片段长约200bp比原核生物略短。真核生物DNA复制速度比原核慢，速度为1000～3000bp/min(仅为原核生物的1/20～1/50）。

③真核生物复制的终止在端粒处，原核生物的复制叉相遇时即终止。

④真核生物染色体在全部复制完之前起点不再重新开始复制；而在快速生长的原核生物染色体DNA复制中，起点可以连续发动复制。真核生物快速生长时，往往采用更多的复制起点。

⑤真核生物有多种DNA聚合酶，DNA聚合酶δ是真正的复制酶，在PCNA存在下有持续的合成能力。PCNA称为增殖细胞核抗原，相当于大肠杆菌DNA聚合酶Ⅲ的β-夹子，RFC蛋白相当于夹子装配器。

原核生物的DNA聚合酶有三种DNA聚合酶ⅢDNA的真正复制酶：多亚基酶，含十种亚基，该酶DNA合成的持续能力强。

⑥真核生物线性染色体两端有端粒结构，它是由许多成串的重短复序列组成，端粒功能是稳定染色体末段结构，防止染色体间的末端连接，并可补偿滞后链5’-末段在消除RNA引物后造成的空缺，使染色体保持一定长度。端粒酶是含一段RNA的逆转录酶。

⑦RPA：真核生物的单链结合蛋白；RNaseH1和MF-1切除RNA引物，DNA聚合酶ε填补缺口。

简述半保留复制的生物学意义

DNA的复制过程（以大肠杆菌为例）

复制起始：

（1）、拓扑异构酶解开超螺旋。

（2）、Dna A蛋白识别并在ATP存在下结合于四个9bp的重复序列。

（3）、在类组蛋白（HU、ATP参与下, Dan A蛋白变性13个bp的重复序列,形成开链复合物。

（4） 、Dna B借助于水解ATP产生的能量在Dna C的帮助下沿5’ →3’ 方向移动，解开DNA双链，形成前引发复合物。

（5）、单链结合蛋白结合于单链。

（6）、引物合成酶（Dna G蛋白）开始合成RNA引物。

链的延长（冈崎片段的合成）：

在DNA聚合酶Ш的催化下，以四种5’ -脱氧核苷三磷酸为底物，在RNA引物的3’端以磷酸二酯键连接上脱氧核糖核苷酸并释放出焦磷酸。DNA链的延伸同时进行前导链和滞后链的合成。两条链方向相反。

6、PCR的基本原理？

PCR是在试管中进行的DNA复制反应，基本原理是依据细胞内DNA半保留复制的机理，以及体外DNA分子于不同温度下双链和单链可以互相转变的性质，人为地控制体外合成系统的温度，以促使双链DNA变成单链，单链DNA与人工合成的引物退火，然后耐热DNA聚合酶以dNTP为原料使引物沿着单链模板延伸为双链DNA。PCR全过程每一步的转换是通过温度的改变来控制的。需要重复进行DNA模板解链、引物与模板DNA结合、DNA聚合酶催化新生DNA的合成，即高温变性、低温退火、中温延伸３个步骤构成PCR反应的一个循环，此循环的反复进行，就可使目的DNA得以迅速扩增。DNA模板变性：模板双链DNA?单链DNA，94℃。退火：引物＋单链DNA?杂交链，引物的Tm值。引物的延伸：温度至70 ℃左右， Taq DNA聚合酶以４种dNTP为原料，以目的DNA为模板，催化以引物３’末端为起点的5’→3’DNA链延伸反应，形成新生DNA链。新合成的引物延伸链经过变性后又可作为下一轮循环反应的模板PCR，就是如此反复循环，使目的DNA得到高效快速扩增。

**第三章**

**启动子**：是一段位于结构基因5，端上游区的DNA序列，能活化RNA聚合酶，使之与模板DNA准确地相结合并具有转录起始的特异性。指RNA聚合酶识别、结合和开始转录的一段特定的DNA序列。

**增强子**：能强化转录起始的序列称为增强子。

**转录：**以DNA为模板，按照碱基配对原则合成RNA，即将DNA所含的遗传信息传给RNA，形成一条与DNA链互补的RNA的过程。

**RNA的编辑**：是某些RNA，特别是mRNA的一种加工方式，它导致了DNA所编码的遗传信息的改变。

**外显子(Exon)** ：真核细胞基因DNA中的编码序 列，这些序列被转录成RNA并进而翻译为蛋白质。

**内含子(Intron)** ：真核细胞基因DNA中的间插序列，这些序列被转录成RNA，但随即被剪除而不翻译。

复制子：生物体的复制单位称为复制子（replicon) ，是在同一个复制起点控制下的一段DNA序列。

转录单元：是一段启动子开始至终止子结束的DNA序列。

转录起点：是与新生RNA链的第一个核苷酸相对应的DNA链上的碱基，通常为一个嘌呤。转录开始时模板上的第一个碱基，在原核中常为A或G，而且位置固定。

**填空**

1转录的基本过程包括：模板识别，转录起始，转录的延伸，转录的终止。

2基因表达包括：转录和翻译 两个阶段。

3RNA的编辑方式：碱基突变，尿甘酸的缺失和添加。

4在原核生物中，-35区与-10区之间的距离大约是16~19bp

5帽子结构的功能：〔1〕在翻译中起识别作用〔2〕使mRNA免遭核苷酸的破坏

6原核生物只有一种RNA聚合酶而真核生物有三种，每一种都有其特定的功能。聚合酶Ⅰ合成rRNA,聚合酶Ⅱ合成mRNA，聚合酶Ⅲ合成tRNA和5s rRNA。三种聚合酶都是具有多亚基的大的蛋白复合体。

7 转录因子通常具有两个独立的结构域：一个结合DNA，一个激活转录。

8 在真核细胞mRNA的修饰中，“帽子”结构由甲基组成，“尾”由多聚腺嘌呤组成。

9原核生物的绝大部分起启动子都存在共同的序列，即位于-10bp处的 区和-35bp处的 区，他们都是RNA聚合酶与启动子结合的位点，能与σ因子相互识别而具高度亲和性。真核生物中，在转录起始位点上游-25—-35bp处有 区和位于-70--80bp处 的 区。

***选择题***

1δ因子的结合依靠（A）

A对启动子共有序列的长度和间隔的识别

B与核心酶的相互作用

C翻译起始密码子的距离

D转录单位的长度

2下列哪一项是对三元转录复合物的正确描述（C）

Aδ因子、核心酶和双链DNA在启动子形成的复合物

B全酶、TFI和解链DNA双链形成的复合物

C全酶、模板DNA和新生RNA形成的复合物

D三个全酶在转录起始位点形成的复合物

3δ因子和DNA之间相互的最佳描述是(C)

A游离和与DNA结合的δ因子的数量是一样的，而且δ因子合成的越多，转录起始的机会越大

Bδ因子通常与DNA结合，且沿着DNA搜寻，直到在启动子碰到核心酶，他与DNA的结合不需要依靠核心酶

Cδ因子通常与DNA结合，且沿着DNA搜寻，直到碰到启动子，再有核心酶存在时与之结合

Dδ因子加入三元复合物而启动RNA合成

4 δ因子专一性表现在（B）

Aδ因子修饰酶催化δ因子变构，使其成为可识别应激启动子的δ因子

B不同基因编码识别不同启动子的δ因子

C不同细菌产生可互换的δ因子

Dδ因子参与起始依靠特定的核心酶

5在大肠杆菌的热激反应中，某些蛋白质表达的开启和关闭的机制是（C）

A温度升高使特定阻抑蛋白失活

B编码热敏感蛋白的基因的启动子区域在较高温度下发生变形

C在高温时合成新的δ因子，调节热激基因的表达

D高温时，已存在的聚合酶δ因子与启动子的结合能力强

6 真核生物中rRNA包括（D）

A 28s,23s,5s rRNA B 23s,16s,5s rRNA

C 23s,16s,5.8s rRNA D 28s,23s,5.8s,5s rRNA

7 内含子的剪切位点具有的特征（A）

A 5，—GU，3，—AG B 5，—AG，3，—GU

C 5，—GA，3，—UG D 5，—UG，3，—GA

8 部分原核基因的转录终止子在终止位点前均有（A）

A 回文序列 B 多聚T序列 C TATA序列 D 多聚A序列

9 mRNA5，端帽子结构为（C）

A pppmG B GpppG C m7GpppG D GpppmG

简答题

**1增强子的特点**

〔1〕有远距离效应〔2〕无方向性〔3〕顺势调节〔4〕无物种和基因的特异性

〔5〕具有组织的特异性〔6〕有相位性，其作用与DNA的构象有关〔7〕有的增强子可以对外部信号产生反应。

**2比较DNA复制和转录的异同点**

相同点：都以DNA链作为模板，合成方向均为5，端到3，端，聚合反应均遵循碱基配对原则，通过核苷酸之间形成的3，，5，—磷酸二酯键使核苷酸键延长。

不同点：

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | 复制 | 转录 |
| 模板 | 两条链均被复制 | 模板链转录（不对称转录） |
| 原料 | Dntp | NTP |
| 酶 | DNA聚合酶 | RNA聚合酶 |
| 产物 | 子代双链DNA（半保留复制） | mRNA tRNA rRNA |
| 配对方式 | A-T G-C | A-U A-T G-C |
| 引物 | RNA引物 | 不需要引物 |

DNA复制与转录的异同

相同点：

都需要模板

都以三磷酸核苷酸为底物（NTP或dNTP）

合成方向都是5→’3’

不同点

转录不需引物；

只转录DNA分子中的一个片段（称为转录单位或操纵子,operon)；

双链DNA中只有一条链具有转录活性（称为模板链）；

哪个基因被转录与特定的时间、空间、生理状态有关。

RNA聚合酶无校对功能。

原核生物与真核生物mRNA的比较

（1）、原核生物mRNA的半衰期短；

（2）、许多原核生物mRNA以多顺反子形式存在；

（3）、原核生物5’端无帽子结构，3’或只有短的poly(A)。

（4）、真核生物mRNA5’端有帽子结构，

（5）、绝大多数真核生物mRNA3’具有poly(A)尾巴，是转录后加上的，是mRNA从核到质转移所必需的形式，提高mRNA的稳定性。

大肠杆菌的转录过程：

（1）、识别阶段：RNA聚合酶在σ亚基的引导下结合于启动子上；

（2）、DNA双链局部解开；

（3）、起始阶段：在模板链上通过碱基配对合成最初RNA链；

（4）、延伸阶段：核心酶向前移动，RNA链不断生长；

（5）、终止阶段：RNA聚合酶到达终止子；

（6）、RNA和RNA聚合酶从DNA上脱落。

**论述题**

**1 真核生物转录的前体hnRNA如何加工为成熟的mRNA？**

真核生物mRNA的结构组成：5，端存在帽子结构，3，端通常具有poly(A)尾巴，无内含子，部分碱基发生甲基化。

①5，端加帽：当RNA聚合酶Ⅱ聚合的转录产物达到25碱基长时，在其5，端加上一个以5，→3，方向相连的7—甲基鸟苷帽，防止5，核苷酸外切酶的攻击，有利于剪接、转运和翻译的进行；②3，端加尾：很多真核生物的hnRNA的3，端经过剪切后再加上多聚A残基即poly(A)尾巴，这有助于整个分子的稳定；③剪接：在真核生物的mRNA加工过程中，内含子序列被切除，两侧的外显子片段连接。剪接反应在核内进行，需要内含子有5，—GU，AU—3，以及一段分支点序列。其过程是：内含子先以一个具尾的环状分子或套索状分子形式被删除，然后被降解，剪接包括snRNP与保守序列结合，形成剪接体，在其内发生剪接与连接反应；④编辑；⑤甲基化修饰：当序列为5，—RRACX—3，时会在第6位N原子位置发生甲基化。

**2概括细菌细胞的转录过程**

转录是通过RNA聚合酶的作用，以一条DNA链为模板产生一条单链RNA过程。步骤如下：

⑴与RNA聚合酶全酶的结合：一个RNA聚合酶全酶分子与待转录的DNA编码序列上游的启动子序列松弛的结合。

⑵起始：RNA聚合酶往下游移动了几个核苷酸到达启动子的另一段短序列—Pribnow框，紧密地与DNA结合。DNA上的启动子区域解链，RNA便从Pribnow框下游的几个核苷酸处开始合成，通常是DNA的反义链作为模板，合成几个核苷酸后，δ因子被释放并循环使用，以下步骤不再需要δ因子。

⑶延伸：RNA聚合酶核心酶沿着DNA模板移动，使DNA解链，与DNA模板的下一碱基互补核苷三磷酸聚合到链上。RNA聚合酶继续在DNA上移动，RNA链从模板链被释放出来，DNA双螺旋重新形成。

⑷当所有编码序列被转录后，RNA聚合酶移动一个终止序列，即终止子。转录复合体解体，RNA聚合酶和新形成的RNA从DNA模板上脱落下来。

3、复杂转录单位的原始转录产物的加工方式有几种？分别是什么？

（1）剪、利用多个5’端转录起始为点或接位点产生不同的蛋白质。

（2）、利用多个加poly（A）位点和不同的剪接方式产生不同的蛋白质。

（3）、虽无剪接，但有多个转录起始位点或加poly（A）位点的基因。

**第四章**

.**SD序列**：在原核生物mRNA起始密码AUG上游，存在4~9个富含嘌呤碱的一致性序列，如-AGGAGG-，称为S-D序列。位于原核生物起始密码子上游7-12个核苷酸处的保守区，该序列与16SrRNA3’端反向互补。又称为核蛋白体结合位点（ribosomal binding site，RBS)

正转录调控：

负转录调控：

填空题

1．tRNA的种类有：起始tRNA和延伸tRNA，同工tRNA，校正tRNA。

2. tRNA的二级结构为三叶草型，三级结构为倒L型。tRNA结构

3.原核生物蛋白质合成的起始tRNA是甲酰甲硫氨酰—tRNA（fMet-tRNA fMet）,它携带的氨基酸是甲酰甲硫氨酸（fMet），而真核生物蛋白质合成的起始tRNA是甲硫氨酰—tRNA（Met-tRNA Met），它携带的氨基酸是甲硫氨酸（Met）。

4．新生肽链每增加一个氨基酸单位都要经过AA-tRNA与核糖体的结合，肽键形成，移位三步反应。

5. 核糖体的作用位点有：A位点、P位点、E位点。

5．在真核生物中蛋白质合成起始时先形成起始因子和起始tRNA复合物，再和40S亚基形成40S起始复合物。

6．氨酰tRNA合成酶既能识别氨基酸，又能识别相应的tRNA。

7．多肽合成的起始密码子是AUG，而UAA，UAG，UGA是终止密码子。

8．遗传密码的特点包括连续性，简并性，摆动性，普遍性与特殊性。

9．核酸复制时，DNA聚合酶沿模板链3’→5’方向移动；转录时，RNA聚合酶沿模板链3’→5’方向移动；翻译时，核糖体沿模板链5’→ 3’方向移动。

10．原核生物蛋白质合成形成起始复合物时，其mRNA先与核糖体的30S亚基结合，然后再与结合起始因子和GTP的甲酰甲硫氨酰—tRNA结合，形成30S起始复合物，然后再与50S形成70S起始复合物。

选择题

1．在蛋白质合成中催化肽键合成的是（D）

A．延长因子EF-Ts B. 延长因子EF-Tu C. 启动因子IF3 D.转肽酶

2．翻译后加工过程的产物是（B）

A．一条多肽链 B. 一条多肽链或一条以上的多肽链

C．多条多肽链 D. 多肽链的降解产物

3.已知某蛋白质多肽链编码序列为………GGA，则其mRNA转录本（A）

A． 以5’ ………GGA………3’为模板，沿转录本5’→ 3’方向延长

B. 以5’ ………GGA………3’为模板，沿转录本3’→ 5’方向延长

C. 以3’………GGA………5’为模板，沿转录本5’→ 3’方向延长

D. 以3’………GGA………5’为模板，沿转录本3’→ 5’方向延长

4.细菌核糖体RNA中大亚基由以下物质组成（C）

A．5S rRNA , 18S rRNA, 5.8S rRNA和49种蛋白质

B. 5S rRNA , 28S rRNA, 5.8S rRNA和49种蛋白质

C．5S rRNA , 23S rRNA和34种蛋白质 D. 5S rRNA , 16S rRNA和34种蛋白质

5.肽链生物合成时信号肽序列（B）

A．决定糖类残基的附着点 B.将新生肽链导入内质网

C.控制蛋白质分子的最终构象 D.具有疏水性

6.真核生物的翻译起始复合物在何处形成（B）

A. 起始密码子AUG处 B. 5’端的帽子结构

C．TATA框 D.CAAT框

7.蛋白质生物合成的终止信号由（D）

A．tRNA识别 B.EF识别 C.IF（或eIF ）识别 D.RF识别

8.能编码多肽链的最小DNA单位是（A）

A．顺反子 B.操纵子 C .启动子 D.复制子

9.参与原核生物肽链延长的因子是（C）

A．IF1 B. IF2 C.EF-Tu D.RF1

10. 参与真核生物肽链延长的因子是（D）

A． eRF B. eIF1 C.EF-Tu D.eEF1α

简答题：

1．简述核糖体的结构及功能特点：

答：核糖体的结构：①真核生物：由60S大亚基和40S小亚基组成的80S的核糖体；②原核生物：由50S大亚基和30S小亚基组成的70S的核糖体

功能特点：合成蛋白质 。在单个核糖体上，包括至少5个功能活性中心，在蛋白质合成过程中，各有专一的识别作用和功能：mRNA的结合部位——小亚基 ，结合或接受AA-tRNA的部位——大亚基A位，结合或接受肽基tRNA部位——大亚基，肽基转移部位——大亚基P位，形成肽键部位（转肽酶中心）——大亚基E位。

2.简述氨基酸的活化过程

答：游离的氨基酸必须经过活化以获得能量，才能参与蛋白质的合成，活化反应由氨酰tRNA合成酶催化。活化分两步：①活化：aa + ATP+ E→氨基酰-AMP释放出 PPi

②转移：氨基酰-AMP转移到 tRNA 并释放出 AMP。

3、论述蛋白质的翻译过程。

答：蛋白质的翻译即合成过程可分为四个阶段：氨基酸的活化、肽链合成的起始、延伸和终止。

1. 氨基酸的活化：游离的氨基酸必须经过活化以获得能量，才能参与蛋白质的合成，活化反应由氨酰tRNA合成酶催化，最终氨基酸连接在tRNA的3’端合成氨酰- tRNA。
2. 肽链合成的起始：核蛋白体大小亚基分离 ，mRNA在小亚基上定位结合，起始氨基酰tRNA与小亚基结合，核蛋白体大亚基结合。

③肽链的延伸：肽链的延长是在核蛋白体上连续性循环式进行，每次循环增加一个氨基酸，分为以下三步：（一）进位:根据mRNA下一组遗传密码指导，使相应氨基酰-tRNA进入核蛋白体A位。（二）成肽:肽酰转移酶将相邻的两个氨基酸相连形成肽键，该过程不需要能量的输入；（三）转位：移位酶利用GTP水解释放的能量使核糖体沿mRNA移动一个密码子，释放出空载的tRNA并将新生肽链运至P位点。

1. 肽链合成的的终止与释放：释放因子识别并与终止密码子结合，水解P位上多肽链与tRNA之间的二脂键，接着，新生肽链和tRNA从核糖体上释放，核糖体大、小亚基解体，蛋白质合成结束。

4、原核生物翻译的起始过程

（1）核糖体大小亚基分离

（2）30s小亚基通过SD序列与mRNA模板相结合

（3）在IF-2和GTP的帮助下fMet-tRNAfMet进入小亚基的P位，tRNA的反密码子与mRNA上密码子配对。

（4)带有tRNA、mRNA和三个翻译起始因子的小亚基起始复合物与50s的大亚基结合，GTP水解释放翻译起始因子。

5、以大肠杆菌为例简述蛋白质合成的过程

从以下四个方面详细论述

（1）氨基酸的活化：

（2）肽链合成的起始：

（3）肽链的延生：

（4）肽链合成的终止：

**第六章**

**乳糖操纵子模型内容**

（1）Z、Y、A基因产物由同一条多顺反子mRNA分子所编码。

（2）乳糖操纵子mRNA分子的启动区（P）位于阻遏基因（I）与操纵区（O）之间，不能单独起始半乳糖苷酶和透过酶基因的高效表达。

（3）乳糖操纵子的操纵区是DNA上的一小段序列（仅为26bp），是阻遏物的结合位点。

（4）当阻遏物与操纵区相结合时，lacmRNA的转录起始受到抑制。

（5）诱导物通过与阻遏物结合，改变其三维构象，使之不能与操纵区相结合，诱发lac mRNA的合成。

**色氨酸操纵子转录水平上的调控**

通过核糖体与mRNA前导序列结合，对转录终止进行调控。

Attenuator(衰减子)： 是位于转录单位开始区的一种内部终止子，由核糖体在mRNA上的位置决定该终止发夹是否形成。若不形成发夹，RNA聚合酶通读终止子，基因得以表达。

当缺乏色氨酸时，核糖体在trp密码子上暂停，此密码子是1区的一部分。所以1区被核糖体隔离，不能与2区碱基配对，这意味着在4区转录之前2区已和3区配对，迫使4区保持单链形式，不能形成终止子发夹，RNA聚合酶穿越衰减子继续转录。

核糖体可以合成前导肽，并延伸到mRNA上的UGA密码子，UGA密码子位于1区与2区之间。当核糖体前进到此点时，通过2区并阻止其形成碱基配对，导致3区与4区配对，产生终止子发夹。因此，在这种情况下，RNA聚合酶在衰减子处终止。

**乳糖操纵子(lac operon)的结构**

1、结构基因

（1）lacZ：编码b －半乳糖苷酶 （使乳糖水解）

（2）lacY：编码b －半乳糖苷透过酶

（使b －半乳糖苷透过细胞壁、质膜进入细胞内）

（3）lacA：编码b －半乳糖苷乙酰转移酶（将乙酰基转移到b －半乳糖苷上）

2、调节基因（regulatory gene）

（1）概念： 其产物参与调控其他结构基因表达的基因

（2）特点：

a、可在结构基因群附近、也可远离结构基因

b、不仅对同一条DNA链上的结构基因起作用，而且能对不同DNA链上的结构基因起作用

（3）调控蛋白：

类型：a、阻遏蛋白（repressive protein）与操纵元件结合后能减弱或阻止所调控基因转录的调控蛋白 b、激活蛋白（activating protein）：与操纵元件结合后能增强或启动所调控基因转录的调控蛋白

3、操纵元件（operator）

（1）与启动子邻近或与启动子部分序列重叠

（2）具有回文结构，能形成十字形结构。

（3）与不同构像的蛋白质结合，可以分别起阻遏或激活基因表达的作用

4、启动子(promoter)

是指能被RNA聚合酶识别、结合并启动基因转录的一段DNA序列。

（1）-10序列--- Pribnow盒：TATAAT；

（2）-35bp序列：TTGACA

操纵子至少有一个启动子，一般在第一个结构基因5’上游，控制整个结构基因群的转录

5、终止子（terminator）是给予RNA聚合酶转录终止信号的DNA序列

（1）不依赖ρ因子的终止子

（2）依赖ρ因子的终止子

在一个操纵元中至少在结构基因群最后一个基因的后面有一个终止子

大肠杆菌乳糖操纵子（lactose operon）包括3个结构基因：Z、Y和A，以及启动子、控制子和阻遏子等。转录的调控是在启动区和操纵区进行的。

LacI——阻抑蛋白， LacZ——β-糖苷酶，LacY——透性酶，LacA——转乙酰基酶。

三种酶的功能：

①. β-半乳糖酶：将乳糖分解成半乳糖和葡萄糖

②. 渗透酶：增加糖的渗透，易于摄取乳糖和半乳糖

③. 转乙酰酶：β-半乳糖转变成乙酰半乳糖

**lac 操纵子小结**

通常情况（葡萄糖供应正常）阻遏蛋白与操纵序列结合，基因不转录。

细胞外的乳糖通过透性酶吸收到细胞内；细胞内的β-半乳糖苷酶将乳糖转变为异乳糖。异乳糖结合到乳糖阻抑物上使之从操纵序列上脱离，聚合酶迅速开始lacZYA基因的转录。这就是负控诱导。

然而，还需要细菌生长系统中缺少葡萄糖，使cAMP含量增加，才有足够量的cAMP与CRP结合形成CRP-cAMP复合物结合于Plac上游。使DNA双螺旋发生弯曲，转录才可以有效地进行。

**组氨酸操纵子：**

与His降解代谢有关的两组酶类被称为hut酶(histidine utilizing enzyme)，控制这些酶合成的操纵子被称为hut operon。由一个多重调节的操纵子控制，有两个启动子，两个操纵区及两

个正调控蛋白。

**转录后调控**

一、 翻译起始的调控

遗传信息的翻译起始于mRNA上的核糖体结合位点（RBS）——起始密子AUG上游的一段非翻译区。在RBS中有SD序列，与核糖体16S rRNA的3’端互补配对，促使核糖体与mRNA相结合。

RBS的结合强度取决于SD序列的结构及与AUG的距离。SD与AUG相距一般以4～10核苷酸为佳，9核苷酸最佳。

二、mRNA稳定性对转录水平的影响

所有细胞都有一系列核酸酶，用来清除无用的mRNA。一个典型的mRNA半衰期为2-3min。mRNA分子被降解的可能性取决于其二级结构。

SD序列的微小变化，往往会导致表达效率成百上千倍的差异，这是由于核苷酸的变化改变了形成mRNA 5’端二级结构的自由能，影响了30S亚基与mRNA的结合，从而造成了蛋白质合成效率上的差异。

三、蛋白质的调控作用

细菌中有些mRNA结合蛋白可激活靶基因的翻译。相反，mRNA特异性抑制蛋白则通过与核糖体竞争性结合mRNA分子来抑制翻译的起始。大肠杆菌中的核糖体蛋白就存在翻译抑制现象。

四、反义RNA的调节作用

RNA调节是原核基因表达转录后调节的另一种重要机制。细菌相应环境压力的改变，会产生一些非编码小RNA分子，能与mRNA中的特定序列配对并改变其构象，导致翻译过程的开启或关闭等作用。

**第七八章**

**操纵子(operon)：**是指数个功能上相关的结构基因串联在一起，构成信息区，连同其上游的调控区（包括启动子和操纵基因）以及下游的转录终止信号所构成的基因表达单位，所转录的RNA为多顺反子。在原核生物中，若干结构基因可串联在一起，其表达受到同一调控系统的调控，这种基因的组织形式称为操纵子。

**反式作用因子（trans-acting factor)**：能直接或间接地识别或结合在各类顺式作用元件核心序列上，参与调控靶基因转录效率的蛋白质。

**弱化子：**在trp mRNA 5’端有一个长162bp的mRNA片段被称为前导区，其中123～150位碱基序列如果缺失，trp基因表达可提高6-10倍。mRNA合成起始以后，除非培养基中完全没有色氨酸，转录总是在这个区域终止，产生一个仅有140个核苷酸的RNA分子，终止trp基因转录。这个区域被称为弱化子，该区mRNA可通过自我配对形成茎-环结构。

**顺式作用元件**(cis-acting element)影响自身基因表达活性的非编码DNA序列。

**断裂基因（splite gene）**：真核生物结构基因，由若干个编码区和非编码区互相间隔开但又连续镶嵌而成，去除非编码区再连接后，可翻译出由连续氨基酸组成的完整蛋白质，这些基因称为断裂基因。

基因的分子生物学定义：产生一条多肽链或功能RNA所必需的全部核苷酸序列。

基因表达的时间特异性：

基因表达的空间特异性：

**填空题**

1、真核生物中反式作用因子的DNA结合结构域有：螺旋－转角－螺旋，碱性－螺旋-环-螺旋，锌指，碱性－亮氨酸拉链，同源域蛋白。

2、转录调节因子按功能可以分为：基本转录因子和特异转录因子。

3、真核生物有3类RNA聚合酶，负责转录rRNA基因的RNA聚合酶是：RNA聚合酶I

4、典型的原核启动子的四个特征是：转录起始位点，原核基因转录起始位点通常是嘌呤，-10区，-35区。

5、乳糖操纵子的结构结构基因有：lacZ，lacY，lacA。

**选择题**

1、在什么情况下，乳糖操纵子的转录活性最高（ A ）

A 高乳糖，低葡萄糖 B 高乳糖，高葡萄糖

C 低乳糖，低葡萄糖 D低乳糖，高葡萄糖

2、在真核基因表达调控中，( B )调控元件能促进转录的速率。

A 弱化子 B 增强子 C repressor D TATA Box

3、外显子是（ D ）

A 基因突变的表现 B DNA被水解断裂开的片段

C 不转录的DNA D真核生物基因的编码序列

4、关于外显子和内含子的叙述，正确的是（ C ）

A 仅外显子在DNA模板上有相应的互补序列 B hnRNA上只有外显子而无内含子序列

C 除去内含子及连接外显子的过程称为剪接 D 除去外显子的过程称为剪接

5、不属于转录后修饰的是（ C ）

A 腺苷酸聚合 B 5′端加帽子结构

C 外显子切除 D 内含子切除

6、AAUAAA序列是（ D ）

A 启动子的辨认序列 B 真核生物的转录终止点

C 真核生物的反式作用因子 D 真核生物转录终止修饰点

7、下列哪项不是真核生物转录后水平的调控机制（ D ）

A 5′端加帽和3′端多聚腺苷酸化 B mRNA选择性剪接

C mRNA运输的控制 D 外显子切除

**问答题**

1、乳糖操纵子的作用机制。

答：（1）乳糖操纵子的组成：大肠杆菌乳糖操纵子含Z，Y，A三个结构基因,分别编码半乳糖苷酶，透酶和半乳糖苷乙酰转移酶，此外还有一个操纵序列O，一个启动子P和一个调节基因I。

（2）阻遏蛋白的负性调节：没有乳糖存在时，I基因编码的阻遏蛋白结合于操纵序列O处，乳糖操纵子处于阻遏状态，不能合成分解乳糖的三种酶;有乳糖存在时，乳糖作为诱导物诱导阻遏蛋白变构，不能结合于操纵序列，乳糖操纵子被诱导开放合成分解乳糖的三种酶。所以，乳糖操纵子的这种调控机制为可诱导的负调控。

（3）CAP的正性调节：在启动子上游有CAP结合位点,当大肠杆菌从以葡萄糖为碳源的环境转变为以乳糖为碳源的环境时,cAMP浓度升高，与CAP结合,使CAP发生变构，CAP结合于乳糖操纵子启动序列附近的CAP结合位点，激活RNA聚合酶活性,促进结构基因转录，调节蛋白结合于操纵子后促进结构基因的转录，对乳糖操纵子实行正调控，加速合成分解乳糖的三种酶。

（4）协调调节：乳糖操纵子中的I基因编码的阻遏蛋白的负调控与CAP的正调控两种机制，互相协调，互相制约。

2、原核和真核生物基因表达调控的比较。

答：相同点：都具有转录水平的调控和转录后水平的调控，并且也以转录水平的调控最为重要；真核结构基因的上游和下游也存在着许多特异的调控成分，并依靠特异蛋白因子与这些调控成分的结合与否控制着基因是否转录

不同点：原核的染色质是裸露的DNA，而真核的染色质则是由DNA与组蛋白紧密结合形成的核小体。原核中染色质的结构对基因的表达没有明显的调控作用，而在真核中这种作用是明显的。在原核基因转录的调控中，既有激活物的调控，也有阻遏物的调控，二者等同重要。在真核生物中虽然也有正调控成分和负调控成分，但迄今已知的主要是正调控。

原核基因转录和翻译是偶联的，而真核生物的转录和翻译不是偶联的， RNA在细胞核中合成，只有经转运穿过核膜，到达细胞质后，才能被翻译成蛋白质。使得真核基因的表达有多种转录的调控机制。原核生物细胞内基因表达基本一致，且对于外界环境条件变化的反应也基本相同。真核生物大都是多细胞的复杂有机体，在个体发育中由一个受精卵逐步分化形成不同的细胞类型和各种组织，分化是不同基因表达的结果，在不同发育阶段和不同细胞类型中，基因的时空表达受到严密的调控。

32、真核生物转录后水平的调控机制？

（1）、5，端加帽和3，端多聚腺苷酸化的调控意义：5，端加帽和3，端多聚腺苷酸化是保持mRNA稳定的一个重要因素，它至少保证mRNA在转录过程中不被降解。  
（2）、mRNA选择性剪接对基因表达调控的作用  
（3）、mRNA运输的控制

4、典型的DNA重组实验通常包含哪些步骤

（1）提取供体生物的目的基因（或称外源基因），酶接连接到另一DNA分子上（克隆载体），形成一个新的重组DNA分子。

（2）将这个重组DNA分子转入受体细胞并在受体细胞中复制保存，这个过程称为转化。  
（3）对那些吸收了重组DNA的受体细胞进行筛选和鉴定。  
（4）对含有重组DNA的细胞进行大量培养，检测外援基因是否表达。

5、蓝-白筛选的原理？

某些质粒带有大肠杆菌的半乳糖苷酶基因片段，在半乳糖苷酶基因的基因区外又另外引入了一段含多种单一限制酶位点的DNA序列。这些位点上如果没有克隆外源性DNA片段，在质粒被导入lac-的大肠杆菌后，质粒携带的半乳糖苷酶基因将正常表达，与大肠杆菌的半乳糖苷酶基因互补，产生有活性的半乳糖苷酶，加入人工底物X-gal和诱导剂IPTG后，出现蓝色的菌落。如果在多克隆位点上插入外源DNA片段，将使lac Z基因灭活，不能生成半乳糖苷酶，结果菌落出现白色。由于这种颜色标志，重组克隆和非重组克隆的区分一目了然。

分子生物学填空题部分

1、分子生物学研究内容主要包括以下四个方面： DNA重组技术、基因表达调控研究基因组、功能基因组与生物信息学 和 生物大分子的结构功能研究 。   
2、原核生物中一般只有一条染色体且大都带有单拷贝基因，只有很少数基因是以多拷贝形式存在，整个染色体DNA几乎全部由 功能基因 与 调控序列 所组成。   
3、核小体是由H2A、H2B、H3、H4各两个分子生成的 \_ 八聚体\_\_\_ 和由大约200bp DNA组成的。八聚体在中间，DNA分子盘绕在外，而  *H1*  则在核小体的外面。

4、错配修复系统根据“ 保存母链 ，修正子链 ”的原则，找出错误碱基所在的DNA链，进行修复。   
5、基因表达包括 转录 和 翻译 两个阶段， 转录 阶段是基因表达的核心步骤，翻译 是基因表达的最终目的。   
6、–10位的 TATA 区和–35位的 TTGACA 区是RNA聚合酶与启动子的结合位点，能与σ因子相互识别而具有很高的亲和力。   
7、核糖体小亚基负责 对模板mRNA进行序列特异性识别 ，大亚基负责 携带氨基酸及tRNA的功能

8、DNA后随链合成的起始要一段短的\_\_ RNA引物\_\_\_，它是由\_\_ DNA引发酶\_ 以核糖核苷酸为底物合成的。   
9、帮助DNA解旋的\_\_\_单链DNA结合蛋白\_\_\_\_与单链DNA结合，使碱基仍可参与模板反应。

10、真核生物的mRNA加工过程中,5’端加上\_帽子结构\_\_，在3’端加上\_多腺苷化尾\_\_\_，后者由\_\_ poly(A)聚合酶 \_催化。如果被转录基因是不连续的，那么，\_内含子\_\_一定要被切除，并通过\_剪接\_\_\_过程将\_\_外显子\_\_连接在一起。这个过程涉及很多RNA分子，如U1和U2等，它们被统称为\_ snRNA \_\_\_。它们分别与一组蛋白质结合形成\_\_ snRNP \_\_，并进一步地组成40S或60S的结构，叫\_\_\_剪接体\_\_\_。

-----------------------------------------------------------

1.DNA修复包括3个步骤： 核酸外切 酶对DNA链上不正常碱基的识别与切除， DNA聚合酶I 酶对已切除区域的重新合成，连接酶 对剩下切口的修补。   
2.真核生物的序列大致可以分为： 不重复序列 ，中度重复序列和高度重复序列；   
3.转座子的类型有 单拷贝序列 和 复合转座子 ，TnA家族和转座噬菌体；   
4.RNA的转录包括转录启始， 延伸（延长） 和 终止 三过程；   
5.tRNA的种类有起始tRNA， 延伸tRNA ，同工tRNA和校正tRNA；   
6.蛋白质运转可分为两大类：若某个蛋白质的合成和运转是同时发生的，则属于 翻译运转同步机制 运转同步机制；若蛋白质从核糖体上释放后才发生运转，则属于 翻译后运转机制 运转机制；

7.在PH8.0时核酸分子带 负 电，在电场下向 正 级移动；   
8.质粒DNA及其分离纯化的方法主要有 氯化铯密度梯度离心 和碱变性法；   
9.乳糖操纵子的体内功能性诱导物是 别乳糖 ；   
10.染色体中参与复制的活性区呈Y型结构，称为 复制叉 ；   
-----------------------------------------------------------

1.  分子生物学是从   分子水平     研究生命现象、生命的本质。生命活动及其规律的科学。

2.  人类基因组包括两个部分DNA即 染色体DNA （或单倍体DNA）（核内DNA 0.5分）和 染色体外DNA（线粒体DNA）（核外DNA0.5分）

3.   主要的DNA修复方式： 重组修复、 切除修复 和SOS修复。

4. 真核生物转录水平的调控主要是通过 顺式作用元件 、反式作用因子 和RNA聚合酶 的相互作用来完成。

5．可用于分析基因转录水平变化的技术有Northern blot (DNA芯片)（核酸分子杂交0.5分）和 RT-PCR   。

6. 反义RNA 是指能与mRNA互补配对的RNA分子。

7. 基因突变主要是DNA一级结构的改变，其分子机制可以是替换、插入 或 缺失 等。

8. 基因治疗的策略： 基因添加（增补） 、 基因干预   、 基因置换 、导入自杀基因、基因修饰。

9. 在特定环境信号刺激下，有些基因的表达表现为开放或增强，这种表达方式称为诱导表达 ，相反，有些基因的表达表现为关闭或下降，这种表达方式称为 阻遏表达  。

10. 写出三种真核细胞转染的方法磷酸钙共沉淀法、电穿孔法 、 DEAE葡聚糖法 、 显微注射法  、 脂质体介导法  。

-----------------------------------------------------------

1.真核生物转录水平的调控主要是通过 顺式作用元件（启动子） 、 反式作用因子（转录因子） 和RNA聚合酶的相互作用 来完成。

2．反义RNA是指能与 mRNA  互补配对的 RNA  分子。

3. 基因突变主要是DNA 一级结构 的改变，其分子机制可以是替换、 插入 或  缺失（倒位） 等。

4.Southern blot可用于检测DNA ，Northern blot可用于检测 RNA , Western blot可用于检测 蛋白质  。

5.人类基因组计划要完成的图谱有 遗传图谱、物理图谱、序列图谱 和转录图谱。

6.基因组学是指阐明整个 基因组（遗传物质） 的结构、结构与功能的关系以及基因之间相互作用的科学。

7.在基因治疗中常用的抑制基因表达的方法是 反义RNA 、RNAi（基因敲除）、核酶或者三链DNA技术。

8.基因诊断的主要技术有 核酸分子杂交 、 PCR扩增（RT-PCR）、 DNA序列测定、DNA芯片技术。

9.目前肿瘤基因诊断的主要策略有：检测肿瘤染色体异位及融合基因、检测癌基因和  抑癌基因  、检测肿瘤相关病毒，检测 肿瘤标志物 或mRNA等。

---------------------------------------------------------------  
1.分子生物学是从 分子水平 研究生命现象、生命的本质、生命活动及其规律的科学。  
2.真核生物的结构基因转录为  单顺反子 mRNA，并需要转录后加工。  
3.原核生物转座因子可以分为以下三类：插入序列、转座子 、Mu噬菌体。  
4.切除修复是细胞内最普遍的修复机制，其过程包括： 识别 、切除、合成、连接。  
5. 根据切除部位的大小，切除修复可分为两类，其中核苷酸片段切除修复是细胞内更为普遍的修复方式。  
6. 色氨酸操纵子受R基因编码的阻遏蛋白调控外，还受L基因编码的 衰减子 调控。  
7. 在特定环境信号刺激下，有些基因的表达表现为关闭或下降，这种表达方式称为  阻遏  表达。  
8. RT-PCR是一种以  mRNA   为模板的体外扩增cDNA的技术。  
9. RNA诱导的沉默复合物(RISC)是  SiRNA（小干涉性RNA）或短双链RNA   与 细胞内某些酶和蛋白质 形成的复合体。      
10. 转基因技术是指将   外源基因或目的基因或外源DNA   导入受精卵细胞或胚胎干细胞中，通过随机重组插入到染色体DNA中。  
11. 基因敲除是指通过  同源重组 定向地将外源基因插入宿主细胞染色体DNA，从而使特定基因在细胞内或生物活体内失活的过程。  
12. 限制性核酸内切酶分为三种类型，其中  Ⅱ型限制性核酸内切酶 能在DNA分子内部的特异位点，识别和切割双链DNA，其切割位点的序列可知、固定。  
13. 在体外连接DNA的方法中， 粘性 末端最适合DNA片段的连接。  
14.基因一级结构的某个位置增加一个核苷酸或一段核苷酸序列形成的基因结构改变称为 插入 突变 。  
15. 基因诊断的主要技术有：核酸分子杂交 、 PCR扩增 、 DNA序列测定、DNA芯片技术。  
16. 制备合适的  探针  是核酸分子杂交用于基因诊断的关键。  
17. 遗传病的间接基因诊断是检测与致病基因连锁的 遗传标志（记） 。  
18. 基因治疗 是将目的基因导入靶细胞内，成为宿主细胞遗传物质的一部分，目的基因表达产物对疾病起治疗作用。  
19. 人类基因组计划要完成的图谱有 遗传图谱 、物理图谱、 序列图谱 和 转录图谱。  
20. 基因组学是指阐明整 基因组的结构 结构与功能的关系 及 基因之间相互作用 的科学。

21、 Lac 阻遏蛋白由 I 基因编码，结合 O 序列对 Lac 操纵子（元）起阻遏作用。

22、 Trp 操纵子的精细调节包括 \_\_阻遏机制\_\_ 及 \_\_弱化机制\_\_\_ 两种机制。

-----------------------------------------------------------  
1. 分子生物学是从 分子水平 研究生命现象、生命的本质、生命活动及其规律的科学。  
2. 翻译过程的肽链延长，也称为核糖体循环。每次核糖体循环又分为三个步骤：  进位 、成肽 和 转位   。  
3. RT-PCR是一种以 mRNA 为模板进行体外扩增 cDNA 的技术。  
4. б因子的作用是确保   RNA 聚合酶 与特异 启动区 稳定结合，而不是与其它位点结合。  
5. 高度重复序列主要有：反向重复序列、 卫星DNA、 端粒DNA 等。  
6. 多基因家族是指由某一共同祖先基因经过 重组 和 变异 所产生的一组基因，并成簇分布。  
7. PCR-SSCP分析是一种基于单链DNA构象差别的 快速、敏感、有效地检测DNA 突变位 和 多态性 的方法。  
8. 5-溴尿嘧啶(5BrU)正常情况下与 腺嘌呤(A) 配对，在发生异构转换后与 鸟嘌呤(G) 配对。  
9. DNA分子的体外连接方法主要有四种，即 粘性末端、 人工接头 ﹑ 同聚体尾﹑ 平端连接。  
10. 分子杂交过程，实质上是DNA的 复性  过程。  
11. 复性过程的第一步是两条DNA单链随机碰撞 形成局部双链 的过程，遵循二级反应动力学。  
12.基因失活 是利用插入失活或反义技术等使一些异常表达的癌基因或致病基因降低表达活性或不表达。  
13.自杀基因HSV-TK所指导表达的  胸腺嘧啶激酶动 可以将无毒的核苷类似物──丙氧鸟苷磷酸化为细胞毒性物质。  
14. 限制性核酸内切酶是一种核酸内切酶，能从双链DNA内部特异位点识别并且裂解  磷酸二酯键 。

**核 酸**

**一、填空题**

1. 碱基互变异构是指碱基的酮式与烯醇式或氨基式与亚氨基式异构体发生互变 的现象，如果这种现象在 DNA 复制的时候发生，则可以导致 碱基错配 。然而，在生理 pH 下，碱基主要以酮式或氨基式 形式存在。

2．DNA 双螺旋中只存在 2 种不同碱基对。A 总是与\_T\_\_\_配对，G 总是与 C 配对，此规则称为 Chargaff 法则 。但在 RNA 双螺旋中，还含有第三种碱基配对，它是 GU 。

3．X 线衍射证明，核苷中 碱基 与 核糖环 平面相互垂直。

4．一个双链 RNA 分子与一个双链 DNA 分子的差别有 分别含 U 与 T 、 核糖与脱氧核糖 和 A 型与 B 型双螺旋 。

5．核酸在 260 nm 附近有强吸收，这是由于 碱基环上的共轭双键 。

6．给动物食用 3H 标记的 胸苷 ，可使 DNA 带有放射性，而 RNA 不带放射性。如果要让 RNA 带有放射性，应该给动物食用 3H 标记的 尿苷 。

7．Tm 是指 DNA 热变性时候的熔链温度 ，双链 DNA 中若 GC 含量多，则其 Tm 值高。DNA 样品的均一性愈高，其熔解过程的温度范围愈 窄 。DNA 所处溶液的离子强度越低，其熔解过程的温度范围越 宽 ，熔解温度越 低 ，所以 DNA 应保存在较 高 浓度的盐溶液中。

8．双链 DNA 热变性曲线通常呈 S 形，这种曲线说明 DNA 的变性具有 协同 效应；在 DNA 发生热变性后，在 pH 2以下，或 pH 12 以上时，其 A260 增加，同样条件下，单链 DNA 的 A260 不变 。

9．核酸分子中的糖苷键均为 β-N-糖苷键 型，但假尿苷中的糖苷键为 β-C-糖苷键 。核苷酸之间通过3,5-磷酸二酯 键连接形成多聚物。

10. 细胞内总含有 T 的 RNA 是 tRNA ，它是通过 U 的后加工 形成的。

11. DNA 双螺旋的构型可以有三种，它们分别为 B 型，A 型，Z 型 。B-DNA 的螺距为 3.4 nm，每圈螺旋的碱基对数为 10 ，细胞里的 B-DNA 每圈螺旋的实际碱基对数为 10.4 。Z-DNA 是 左 手螺旋，每圈螺旋的碱基对数为 12 。Z-DNA 与 B-DNA 相比，前者的每对核苷酸之间的轴向距离 大于 后者，前者的直径 小于 后者。 Z 型 DNA 没有明显的大沟。

12．双链 RNA 以及 RNA-DNA 杂交双链形成的双螺旋为 A 型，这是因为核糖 2-OH 造成的空间位阻 。

13. H-DNA 的形成需要一条链全部由 嘧啶（或嘌呤 核苷酸组成，它除了含有 Watson - Crick 碱基对以外，还含有 Hoogsteen 碱基对。

1. 维持 DNA 双螺旋结构稳定的主要作用力有 氢键 和 碱基堆积力 。

15. 测定 DNA 一级结构的方法主要有 Sanger 提出的 双脱氧末端终止 法和 Maxam 和 Gilbert 提出 化学断裂 法，现在普遍使用的是 双脱氧末端终止 法。

16. DNA在酸性溶液中会发生 脱嘌呤 ，所以DNA应该存放在 碱性 溶液中；RNA在碱性溶液中发生 水解 ，所以 RNA 应该存放在 酸性 溶液中。

17. 双链 DNA 在蒸馏水中会立刻变性，这是因为 双链骨架上的磷酸基团因无金属中和而相互排斥，导致解链 。

18. 导致 DNA 形成超螺旋的原因是两条链 过度缠绕或者缠绕不足 。细胞内的 DNA 超螺旋通常属于 负 超螺旋。不利于 DNA 复制或转录的超螺旋是 正 超螺旋。当环形 DNA 每一圈的碱基对大于或者小于 10.4 bp的时候，通常形成 超螺旋 结构。

19. 在 DNA 合成过程中改变 DNA 分子超螺旋构型的酶是 拓扑异构酶 。

20. 描述闭合环状 DNA 空间关系可用关系式 L=T+W (L 为连接数，T 为双螺旋数，W 为超螺旋数) 表示。一个超螺旋DNA 分子的某一个区域从 B 型双螺旋变成 Z 型双螺旋，这种构象的改变不会影响到这个超螺旋分子的 连接数 。

21. 细胞内的 DNA 形成的双螺旋通常是 B 型，枯草杆菌的孢子内的 DNA 形成的双螺旋通常为 A 型，原因之一是因为孢子内 水分 含量低。

22. 在真核细胞中 DNA 的三级结构为 核小体 结构，它由 140bp 的 DNA 缠绕于由组蛋白 H2A、H2B、H3 和 H4 各 2 分子 组成的八聚体外，又依 60bp 的 DNA 及 H1 形成的细丝相连组成串珠状结构。

23. 如果一种 DNA 溶液的 A260 /A280<1.6，那么这种 DNA 样品严重受到 蛋白质 的污染。

24. G 四联体结构(G-quartet)通常发现在 端粒 DNA 上。

25. Watson 和 Crick 发现 DNA 双螺旋结构所采用的方法是 模型建立 ；Rosalind Franklin 对他们发现双螺旋结构的主要贡献是 提供了清晰的 DNA 显微的 X 射线衍射图片 。

26. 硝酸纤维素膜可结合 单 链核酸。将 RNA 变性后转移到硝酸纤维素膜上再进行杂交，称为

Northern 印迹法；将 DNA 变性后转移到硝酸纤维素膜上再进行杂交，称为 Southern 印迹法。

**二、单项选择题**

1．以下DNA中，解链温度最高的是（ C ）

A．TTCAAGAGACTT

B．TCATCAGTTACGTC

C．GGACCTCTCAGG

D．CGTAGAGAGTCC

2．有关DNA Tm值的叙述，不正确的是（ D ）

A．与碱基含量有关 B．无种属特异

C．与G-C含量呈正比 D．与A-T含量呈正比

3．DNA的解链温度有关的是（B ）

A．DNA开始解链时所需的温度 B．A260达到最大值50％时所需的温度

C．DNA完全解链时所需的温度 D．A260达到最大值时的温度

4．下列有关DNA的变性与复性的叙述，正确的是（ D ）

A．复热后的DNA不可能再变性

B．热变性DNA迅速降温过程称作退火

C．热变性DNA迅速冷却到４℃可复性

D．热变性的DNA经缓慢冷却可复性

5．如果嘌呤能和嘌呤配对，嘧啶能和嘧啶配对，那么后果将是（ B ）。

A．DNA分子不再能够形成双螺旋 B．DNA双螺旋不再有恒定的直径

C．DNA复制将因为没有3'-OH而停止 D．形成双螺旋的两条链将不再是反平行

E．DNA双螺旋内部的碱基堆积力将不复存在

6．不能作为DNA变性的指标是( D )。

A．增色效应 B．浮力密度升高 C．黏度下降

D．生物功能丧失 E．解链

7．DNA受热变性时（ D ）

A．在260 nm波长处吸光度下降

B．多核苷酸链断裂

C．碱基对可形成共价连接

D．加入互补RNA链冷却可形成DNA，RNA杂交分子

8．下述序列中，在双链状态下属于完全回文结构的序列是（ C ）

A．AGTCCTGA B．AGTCZAGTC

C．AGTCGACT D．GACTTGA

9．由缠绕不足的闭合环形DNA形成的超螺旋是（ B ）。

A．左手负超螺旋 B．右手负超螺旋

C．左手正超螺旋 D．右手正超螺旋

10．细菌细胞内的质粒DNA的存在形式是（ A ）。

A．共价闭环负超螺旋 B．共价闭环正超螺旋

C．共价闭环松弛型 D．线性负超螺旋

E．线性正超螺旋

11．人DNA分子中引入天然的超螺旋的能量来自（ E ）。

A．ATP和DNA旋转酶的作用 B．DNA拓扑异构酶工的作用

C．DNA拓扑异构酶Ⅱ的作用 D．解链酶的作用

E．DNA与组蛋白的结合

12．有关DNA结构的正确说法是（ D ）。

A．双螺旋的两股链是相同的

B．双螺旋两股链平行，也即走向同一方向

C．双螺旋中的碱基平行于螺旋的轴

D．双螺旋的两股长链以反向平行方式向右盘绕

13．双股DNA的Watson-crick结构模型中（ A ）。

A．碱基平面和核糖平面都垂直于螺旋轴

B．碱基平面和核糖平面都平行与螺旋轴

C．碱基平面垂直于螺旋轴，核糖平面平行于螺旋轴

D．碱基平面平行于螺旋轴，核糖平面垂直于螺旋轴

14．下列有关DNA双螺旋结构模型描述，哪个是不正确的（ C）。

A．同种生物体不同组织中的DNA碱基组成极为相似

B．DNA双螺旋中碱基对位于内侧

C．两股多核苷酸链通过A-T，C-T之间的氢键连接

D．维持双螺旋稳定的主要因素是氢键和碱基堆积力

15．双链DNA的稳定性是由（ D ）决定的。

A．A/T比例 B．DNA修饰

C．核苷酸排列 D．上述所有原因总和

16．以下有关DNA变性的叙述，正确的是（ C ）。

A．是磷酸二酯键的短裂 B．可由温度的降低而引起

C．涉及氢键的断裂 D．涉及DNA双螺旋的解开

17．以下那一项不是维持DNA双螺旋结构稳定性的力是（ C ）。

A．碱基对之间的氢键 B．双螺旋内的疏水作用

C．二硫键 D．碱基堆积力

18．在一条单链DNA分子上，相邻的G和C之间的连接方式是（ E ）。

A．氢键 B．碱基堆积力

C．离子键 D．一磷酸一脱氧核糖一磷酸一

E．一脱氧核糖一磷酸一脱氧核糖一

19．根剧中心法则，遗传信息的传递方式是（ B ）。

A．RNA—DNA—蛋白质 B．DNA—RNA—蛋白质

C．RNA—RNA—DNA D．蛋白质—RNA—DNA

20．蛋白质更喜欢在大沟里与DNA结合，这是因为（ C ）。

A．小沟太窄，蛋白质结合不上去

B．大沟能提供独特的疏水作用和范德华力，而小沟不能

C．大沟能提供具有较高特异性的氢键受体和供体

D．小沟具有太多的静电斥力

E．DNA只有大沟，没有小沟

21．在相同的条件下，最可能形成Z-DNA的序列是（ C ）。

A．5'-ATATATATATATATATATAT-3'

3'-TATATATATATATATA TATA-5'

B．5'-AAAAAAAAAAAAAAAAA-3'

3'-TTTTTTTTTTTTTTTTTTTT-5'

C．5'-GCGCGCGCGCGCGCGCGCGC-3'

3'-CGCGCGCGCGCGCGCGCGCG-5'

D．5'-GGGGGGGGGGGGGGGGGGG-3'

3'-CCCCCCCCCCCCCCCCCCCC-5'

E．5'-GTGTGTGTGTGTGTGTGTGT-3'

3'-CACACACACACACACACACA-5'

22．RNA经弱碱水解，其产物是（ D ）。

A．5'-NMP B．3'-NMP C．2'-NMP

D．2'-NMP和3'-NMP E．2'-NMP、3'-NMP和5'-NMP

23．DNA合成仪合成DNA片段时，用的原料是（ A ）。

A．四种dNTP B．四种NTP

C．四种dNDP D．四种脱氧核糖核苷的衍生物

24．以下是有关DNA结构的叙述，错误的是（ A ）。

A．Z-DNA是一种左手螺旋，G处于反式构象

B．B-DNA上的大沟差不多适合半个α-螺旋

C．B-DNA的每圈为10.5 bp

D．A-DNA比B-DNA短

E．细胞中没有A-DNA，但有A型双螺旋

25．存在于RNA双螺旋但不存在于DNA双螺旋的碱基对是（ A ）。

A．GU B．GC C．AT

D．AC E．TU

26．一种天然的负超螺旋质粒DNA经DNA拓扑异构酶Ⅰa作用一段时间以后，将它放在凝胶上行电泳分离，发现共有1 0条带。你认为凝胶上跑得最快的条带与跑得最慢的条带在连环数差（ D ）。

A．10 B．-10 C．9

D．-9 E．0

27．序列特异性DNA结合蛋白与DNA结合的主要作用力是（ B ）。

A．离子键 B．氢键 C．疏水作用

D．范德华力 E．配位键

28．非Watson - Crick碱基对发现在( E )。

A．由逆转录酶催化产生的RNA-DNA杂交双链 B．Z-DNA或A-DNA

C．随机卷曲的DNA D．甲基化的DNA

E．tRNA

29．双螺旋DNA具有的典型特征包括（ C ）。

A．沿着一条链是大沟，另外一条链是小沟 B．碱基对的排列与螺旋轴平行

C．嘌呤碱基和嘧啶碱基的数目相同 D．螺旋的方向总是右手

E．两条链的极性相同

30．体内B型DNA的特征是（ D ）。

A．左手螺旋，每圈含有12 bp，每一个碱基对上升0.37 nm

B．右手螺旋，每圈含有12 bp，每一个碱基对上升0.34 nm

C．右手螺旋，每圈含有10.4 bp，每一个碱基对上升0.36 nm

D．右手螺旋，每圈含有10.4 bp，每一个碱基对上升0.34 nm

E．右手螺旋，每圈含有11 bp，每一个碱基对上升0.26 nm

31．根据Chargaff规则，一个典型的双螺旋DNA（ E ）。

A．A=G B．A=C

C．A=U D．A+T=G+C

E．A+G=T+C

32．导致DNA双螺旋具有大沟和小沟的原因是（ E ）。

A．AT碱基对与GC碱基对的外形不同

B．嘌呤碱基大，形成大沟，而嘧啶碱基小，形成小沟

C．DNA结合蛋白将DNA扭曲成特定的形状

D．不同的碱基的疏水性有别

E．两条链上的磷酸核糖骨架不是完全相对称的

33．一个1050 bp长的共价闭环的松弛型DNA在未断裂的情况下解开21 bp以后，形成的超螺旋的L、T和W值是( A )。

A．L=100，T= 98，W=2 B．L=100，T=100，W=0

C．L=100，T=100，W= -2 D．L=98，T=100，W= -2

E．L=98，T=98，W=2

34．ACUCAUAGCUAUGAGU被核糖核酸酶T1完全水解后，共产生的寡核苷酸种类是( C )。

A．1 B．2 C．3 D．4 E．5

35．在进行核酸杂交实验的时候，两种杂交缓冲液除了一种含有70%甲酰胺以外，其余成分完全相同。以下关于两种杂交缓冲液的最适杂交温度的描述正确的是（ A ）。

A．有甲酰胺的缓冲液的最适温度低 B．有甲酰胺的缓冲液的最适温度高

C．最适温度相同 D．哪一种最适温度高难以确定

E．有甲酰胺导致核酸不能杂交

36．假定你分别分离到处于G1期和G2期的酵母细胞的DNA，如果将从相同数目的两种细胞中抽提的DNA各自放在相同的体积内先完全变性，然后进行复性，测定复性的速率（有一半DNA变成双链需要的时间）。以下是对两种细胞DNA的复性的预测，你认为正确的是（ E ）。

A．G1期细胞比G2细胞快4倍 B．G1期细胞比G2细胞快2倍

C．两种细胞的复性速率一样 D．G2期细胞比G1快2倍

E．G2期细胞比G1快4倍

37．如果重复上面的实验，但使两种样品的DNA的量相同，反应的体积也相同，那么，以下对两种细胞DNA的复性的预测，你认为正确的是（C ）。

A．G1期细胞比G2细胞快4倍 B．G1期细胞比G2细胞快2倍

C．两种细胞的复性速率一样 D．G2期细胞比G1快2倍

E．G2期细胞比G1快4倍

**染色体和基因组**

**一、填空题**

1．染色体中 DNA 的构型主要是 B 型。

2．真核细胞核小体的组成是 组蛋白 和 DNA 。

3．DNA 分子中存在三类核苷酸序列， 高 度重复序列、 中 度重复序列和 单一序列 。 tRNA、rRNA 以及组蛋白等由 中度重复序列 编码，而大多数蛋白质由 单一序列 编码。

4．DNA 的复性过程符合 二级 反应动力学，它的 Cot1／2 值与 DNA 的复杂程度成 正 比。

5．最新的研究数据表明，人类基因组含有的基因数目大概是 3 万 个，外显子序列占基因组的比例大概是 不足 5% 。

6．染色质的主要成分是 组蛋白 、 DNA 和 非组蛋白 。

7．所有细菌的染色体 DNA 都是 负 超螺旋。

8．真核生物的每条染色体都含有 端粒 、 中心粒 和 自主复制起点 这三个重要的

功能元件。构成染色质的蛋白质有 组蛋白 和 非组蛋白 两类。染色质的一级结构为 核小体 ，二级结构是 30nm 纤维。

9．组成核小体的组蛋白的特点包括 分子量较小 、 进化保守 和 带大量正电荷 。

10．真核生物基因组中有许多来源相同，结构相似，功能相关的基因，这样的一组基因称 基因家族。

11．细菌中的质粒分为 严谨 型和 松弛 型，基因工程中通常使用的为 松弛 型质粒。细菌染色体克隆载体利用细菌的 F 质粒及其调控基因构建而成。

**二、单项选择题**

1．组蛋白的乙酰化修饰对真核细胞的基因表达具有非常大的影响，受乙酰化修饰的氨基酸残基通常是（ E）。

A．Arg B．Cys C．Ser

D．Thr E．Lys

2．组蛋白不能进行的共价修饰方式是( D )。

A．甲基化 B．乙酰化

C．磷酸化 D．寡糖基化

3．下列何种生物形式的基因组中没有内含子（ C ）。

A．酵母 B．四膜虫

C．T4噬菌体 D．人

4．真核生物染色体正确的结构层次（从低级到高级）是（ E ）。

A．染色质纤维-核小体-组蛋白八聚体-染色体环

B．核小体-染色质纤维-染色体环-组蛋白八聚体

C．染色质纤维-组蛋白八聚体-核小体-染色体环

D．核小体-组蛋白八聚体-染色体环-染色质纤维

E．组蛋白八聚体-核小体-染色质纤维-染色体环

6．核小体能够稳定存在并成为染色质组成单位的主要因素是（ ）。

A．核基质蛋白和DNA环 B．30 nm螺线管八聚体

C．H1组蛋白 D．纤维状的非组蛋白

E．组蛋白之间的疏水作用和它们与DNA之间的离子键

7．大肠杆菌基因组含有的基因数目大概是（ C ）。

A．30 000 B．12 000 C．4280

D．100 000 E．500

8．有关蛋白质组不正确的叙述是（ D ）。

A．人类基因组的基因大概编码10万种不同的蛋白质

B．翻译后加工可导致同一个翻译产物形成几种不同的蛋白质

C．蛋白质之间的相互作用可形成组织特异性蛋白质复合物

D．环境因素对一个细胞的蛋白质组无影响

E．一个病态细胞的蛋白质组可能与一个健康细胞的蛋白质组有所不同

9．重复序列在基因组中占据的比例最高的生物是（ E ）。

A．大肠杆菌 B．果蝇 C．线虫

D．芥菜 E．人

10．在真核生物的染色体中，DNA约占多少（ C ）。

A．66% B．6%

C．27% D．80%

11．人类基因组包括的基因数目为（ B ）。

A．五千到六千 B．五万到六万

C．十几万 D．一百万

12．专性寄生虫 (obligatory parasite) 的基因组一般比其自由生活的非寄生的近亲（ D ）。

A．含有更多的GC碱基对 B．含有更多的基因

C．含有更多的分节基因 D．小

E．差别不大

13．人类基因组中重复序列约占（ C）。

A．99% B．90%

C．45% D．25%

E．10%

14．DNA甲基化是基因表达调空的重要方式之一，甲基化的位点是（ C ）。

A．CpG岛上的C的3位 B．CpG岛上的G的3位

C．CpG岛上的C的5位 D．CpG岛上的G的7位

15．下列有关C值的叙述正确的是（ A ）。

A．生物的进化程度越高，其C值就越大

B．C值与有机体的形态学复杂性成反比

C．每一个生物门中的C值与有机体的形态学复杂性大致成反比

D．C值与有机体的形态学复杂性成正比

16．构成染色体的基本单位是（ B ）。

A．DNA B．核小体

C．螺线管 D．超螺线管

17．有关真核生物不连续基因的叙述，错误的是（ A ）。

A．反映了真核生物的mRNA是多顺反子

B．因为编码序列外显子被非编码序列内含子所分隔

C．表明真核基因可能有多种表达产物，因为它有可能在mRNA加工的过程中采用不同的外显子重组方式

D．表明初始转录产物必须被加工后才可被翻译

18．以下各种生物中，基因密度（gene density）最高的是（ A ），最低的是（ E ）。

A．细菌 B．酵母 C．线虫

D．果蝇 E．人

19．DNA在细胞核内被包装成30 nm的染色质纤维。在试管里加入某种物质可以人为破坏这种结构（包括10nm染色质纤维），你认为这种物质是（ B ）。

A．水 B．NaCl C．辅酶

D．核糖核酸酶 E．ATP

20．清蛋白基因在肝细胞内高度表达，以下有关在清蛋白基因附近的DNA的叙述最可能是正确的是（ A ）。

A．清蛋白基因位于真染色质 B．在CpG处高度甲基化

C．组蛋白含量丰富 D．与其结合的组蛋白去乙酰化

E．对DNA酶I不敏感

21．真核生物的中度重复序列包括（ C ）。

A．仅编码序列 B．仅非编码序列

C．编码和非编码序列 D．卫星DNA、小卫星DNA和微卫星DNA

E．仅卫星DNA

22. 哺乳动物线粒体基因组DNA的大小约为（ B ）。

A．6 kb B．16 kb C．80 kb

D．100 kb E．2 Mb

23．关于一种真核生物的基因组的最佳定义是（ D ）。

A．这种生物所有的编码蛋白质的基因

B．这种生物细胞核所有的DNA

C．这种生物所有的遗传物质

D．这种生物的单倍体细胞所具有的所有染色体

E．这种生物所有的基因

24．有关多莉羊(Dolly the sheep)基因组的描述正确的是（ A ）。

A．细胞核基因组来自提供细胞核的母羊，细胞器基因来自提供卵细胞的母羊

B．基因组与提供细胞核的母羊完全一样

C．为单倍体基因组

D．基因组更容易将突变传给它的后代

E．细胞核基因组来自提供细胞核的母羊，细胞器基因组来自代孕的母羊

25．以下有关染色质的叙述不正确的是（ E ）。

A．原核生物无染色质结构，真核生物才有染色质结构

B．染色质由DNA、RNA、组蛋白和非组蛋白构成

C．染色质的基本结构单位是核小体

D．组蛋白与DNA含量之比接近1：1

E．组蛋白是一种序列特异性DNA结合蛋白

26．类病毒的组成成分是（ E ）。

A．蛋白质 B．蛋白质+RNA

C．蛋白质+DNA D．DNA E．RNA

27．朊病毒的组成成分是（ A ）。

A．蛋白质 B．蛋白质+RNA

C．蛋白质+DNA D．DNA E．RNA

28．基因数目最小的生物是（ A ）。

A．支原体 B．大肠杆菌

C．酵母 D．线虫 E．人

29．如果两个基因是paralogs，那么这两个基因的关系是（ E ）。

A．同线的( syntenic) B．同源性大于70%

C．在同一染色体上的同一个基因簇内 D．不同物种的两个同源基因

E．同一物种的两个同源基因

30．基因的垂直家系同源物 (orthology) 是指（ E ）。

A．基因组内部因为复制产生的序列相似性

B．双链DNA两条链之间的碱基互补配对

C．具有相同功能，但在结构上或进化上没有关联的碱基序列

D．存在于DNA分子中的分子钟

E．物种之间因为享有共同祖先而产生的序列相似性

31．基因组中含有的转座子最多的生物是（ E ）。

A．细菌 B．噬菌体 C．酵母

D．线虫 E．玉米

32．LINE和SINE的区别是（ C ）。

A．LINE在哺乳动物基因组中比较普遍，而SINE在细菌基因中更普遍

B．SINE是DNA转座子，而LINE是逆转座子

C．LINE含有编码蛋白质的区域，SINE则没有

D．LINE一般比SINE短

E．LINE可以转录，SINE不可以转录

33．在研究亲缘关系密切的动物之间的进化关系的时候，最有用的分子数据来自（ B ）。

A．叶绿体DNA

B．线粒体DNA

C．rRNA

D．存在于所有动物体内的一种蛋白质的氨基酸序列，如细胞色素c

E．tRNA

34．人细胞中含有基因数目最大的染色体是（ A ）。

A．1号 B．13号

C．9号 D．X E．Y

35. 人类基因组的大小是（ A ）。

A．3.2×109 bp B．6.4×109 bp C．3.2×1010 bp

D．6.4×1010 bp E．3.2×1011bp

36．对C值矛盾贡献最大的序列是（ E ）。

A．编码蛋白质的基因 B．编码tRNA的基因

C．编码rRNA的基因 D．编码干扰RNA的基因

E．基因间的非编码序列

37．噬菌体基因组DNA上的碱基发生糖基化和甲基化修饰的主要功能是（ B ）。

A．促进基因组DNA整合到宿主基因组上

B．保护病毒DNA受到限制性酶的水解

C．有利于核酸正确地排列

D．稳定DNA，防止突变

E．提高遗传信息的容量

38．下列何种生物形式的基因组中没有内含子（ C ）。

A．酵母 B．四膜虫

C．T4噬菌体 D．人

39．成人血红蛋白含有2个α链和2个β链。α链和β链是（ B ）。

A．起源于趋同进化

B．显示了基因家族的趋异进化

C．两种互不相关的蛋白质

D．来自同一个基因转录物的选择性后加工

E．一个显性，一个隐性

40．以下是有关线粒体基因组和叶绿体基因组的比较，叙述错误的是（ D ）。

A．叶绿体基因组一般要大于线粒体基因组

B．叶绿体基因组含有的基因数目一般要大于线粒体基因组

C．线粒体基因组所使用的遗传密码通常与标准的遗传密码相比有许多例外，而叶绿体基因组所使用的遗传密码基本上与核基因组一致

D．叶绿体DNA和线粒体DNA总是环状DNA

E．叶绿体基因组和线粒体基因组都是多拷贝的

**DNA的复制**

**一、填空题**

1、线粒体DNA 的复制为 方式，大肠杆菌染色体的复制为 θ 复制 方式，∮X174 环状

染色体和噬菌体后期复制为 滚环复制 方式，真核生物染色体DNA 复制为 多起点双向 方式。

2、原核生物DNA 聚合酶有三种，其中主要参与DNA 复制的是 pol Ⅲ ，主要参与DNA 切除修复的是

pol Ⅰ 。

3、大肠杆菌DNA 聚合酶Ⅰ经酶切后，得到大小片段，其中大片段具有 5→3 聚合 活性和

3→5 外切 活性，小片段具有5→3 外切 活性。

4、DNA 拓扑异构酶分为 Ⅰ 型和 Ⅱ 型。 Ⅰ 型在作用的过程中，只能切开DNA 的一条链，而

Ⅱ 型在作用的过程中同时切开DNA 的两条链。参与DNA 复制的是 Ⅱ 型，所有拓扑异构酶的作用

都是通过两次 转酯 反应来完成的。

5、一个两股链都带有放射性的DNA 分子，在无放射性标记物的体系中，经两次复制，其产生的子代DNA

分子中，有 2 个DNA 分子不带放射性。

6、端粒酶由 蛋白质 和 RNA 组成，参与复制 端粒 DNA，蛋白质具有 逆转录

的活性，RNA 所起的作用 提供逆转录的模板 。

7、大肠杆菌整个染色DNA 的形状是 双链环状 ，它的复制开始于 固定位点oriC ，

复制的方向是 双向 ，复制的机制是 半保留 。复制起始区的重要特征是富含

AT ，识别起始区的蛋白质是 DnaA 。在一个复制叉内的聚合酶III 全酶同时催化前导链和后随链

的合成，这是因为后随链的模板在复制的过程中形成 突环 结构。

8、DNA 滞后链是以 半不连续 方式合成的，因此DNA 复制过程还需要 连接酶 。

9、大肠杆菌染色体的复制结束于终止区，需要 Tus 蛋白的帮助，最后两个子代DNA 分子的分离需

要 Topoerase Ⅳ 。

10、假如将N15 标记的大肠杆菌在N14 培养基中生长三代，提取其DNA，进行CsCl 密度梯度离心，其

N15，N14-DNA 分子与纯N14-DNA 分子之比为 1：3 。

11、DNA 复制时，合成DNA 新链之前必须合成 RNA 引物 ，它在原核生物的长度大约有 6－

10nt 。

12、 DNA pol Ⅳ 和 DNA pol Ⅴ 属于易错的DNA 聚合酶，参与DNA 的 修复 合成。

13、DNA 复制后最常见的修饰是某些碱基的 甲基化 ，目的自我识别，以免受到自身的 核酸酶

的破坏。

14、真核生物中染色体DNA 复制的主要酶是 polδ和polε ，线粒体DNA 复制的酶是 pol γ 。

15、逆转录病毒编码的逆转录酶以 tRNA 为引物，具有三种酶活性： 逆转录 活性，负责负链DNA

的合成； Rnase H 活性，水解 杂交双链中的RNA ；依赖于DNA 的 DNA pol 活性，合成 正

链DNA。逆转录酶无 3→5 外切酶活性而缺乏校对能力。逆转录病毒基因组RNA 的逆转录共经历 2 步

跳跃反应，直至基因组RNA 被转变为两端含有 LTR 序列的双链DNA。

**二、选择题**

１．DNA复制中解开双螺旋的酶是（ B ）。

A．拓扑酶 B．解螺旋酶

C．DNA结合蛋白 D．连接酶

2．下述对DNA聚合酶I的描述哪些是错误的（ D ）。

A．具有5’→3’外切酶活性

B．具有3’→5’外切酶活性

C．具有5’→3’聚合酶活性

D．具有3’→5’内切酶活性

3．DNA合成仪合成DNA片段时，用的原料是（ A ）。

A．四种dNTP B．四种NTP

C．四种dNDP D．四种脱氧核糖核苷的衍生物

4．DNA合成需要有一段RNA为引物，合成该引物的酶是（ B ）。

A．DNA聚合酶 B．引发酶

C．RNA聚合酶I D．复制酶

5．促螺旋酶是一种（ B ）。

A．解螺旋酶 B．II型DNA拓扑异构酶

C．I型DNA拓扑异构酶 D．DNA编码蛋白

6．参与大肠杆菌染色体DNA复制有关的酶包括（ B ）。

A．DNA聚合酶大片段 B．引发酶

C．转座酶 D．限制性内切酶

7．癌症化疗药物喜树碱在细胞内的作用位点是（ C ）。

A．H1组蛋白 B．DNA解旋酶

C．拓扑异构酶I D．RNA聚合酶Ⅱ

E．翻译延伸因子 (eEF1)

8．直接抑制DNA复制的抗癌药是（ D ）。

A．5-氟尿嘧啶 B．氨甲喋呤

C．叶酸拮抗剂 D．阿糖胞苷

9．在旋转酶（gyrase）催化的反应中，带有裂口的DNA中间物不会离开旋转酶的原因是（B）。

A．反应中间物受核基质的限制

B．中间物与旋转酶共价连接

C．中间物受超螺旋张力的限制

D．中间物受核膜的限制

E．无足够的能量完成反应

10．端粒酶与真核生物线形DNA末端的复制有关，它是一种（ B）。

A．RNA聚合酶 B．逆转录酶

C．核酸酶 D．核糖核酸酶

11．真核生物复制起点的特征包括（ B ）。

A．富含G-C区 B．富含A-T区

C．Z-DNA D．无明显特征

12．在大肠杆菌复制的起始阶段，DnaA蛋白结合复制起始区后，（ C）。

A．超螺旋消失 B．DNA聚合酶I和DNA结合

C．DNA发生局部解链 D．DNA发生半甲基化

E．合成冈崎片段

13．Holliday模型是用于解释（ D ）机制的

A．RNA逆转录酶作用 B．转座过程

C．碱基切除 D．同源重组

14．下列有关冈崎片段的描述中，正确的是（ A ）。

A．冈崎片段出现在DNA复制过程的滞后链中

B．冈崎片段的发现能证明DNA复制是以半保留复制方式进行的

C．冈崎片段只在原核生物DNA复制中出现

D．冈崎片段只在真核生物DNA复制中出现

15．大肠杆菌去除RNA引物的是（ B ）。

A．核糖核酸酶H B．DNA聚合酶I

C．聚合酶II D．DNA聚合酶Ⅲ

E．DNA聚合酶IV或V

16．DNA聚合酶I（ C）。

A．既是复制酶，但不是修复酶 B．没有模板依赖性

C．有5′到3′外切酶活性 D．5′到3′聚合酶活性极强

17．下列有关引发酶的论述，何者是正确的（ B ）。

A．引发酶可单独催化引物合成 B．引发酶需要引发前体护送才能催化引物的合成

C．引发酶的底物是dNTP D．引发酶催化合成的引物约为200个核苷酸组成

18．下列有关DNA聚合酶III的描述，何者是错误的（ B ）。

A．需要四种三磷酸脱氧核苷酸作底物 B．具有5‘到3’外切酶活性

C．具有3‘到5’外切酶活性 D．具有5‘到3’聚合活性

19．原核生物基因组中没有（ A ）。

A．内含子 B．外显子

C．转录因子 D．插入序列

20．DNA的半保留复制需要（ B ）。

A．核心酶和单链DNA结合蛋白 B．模板DNA和四种NTP

C．DNA引物和RNA聚合酶 D．DNA引物和连接酶

21．真核生物中负责细胞核DNA复制的酶为（ C ）。

A．DNA聚合酶α、β、γ B．DNA聚合酶α、ε、γ

C．DNA聚合酶α、δ、ε D．DNA聚合酶α、ε、γ

22．以下没有参与DNA复制的酶是（ D ）。

A．解螺旋酶 B．连接酶

C．引发酶 D．限制性内切酶

23．关于DNA复制的叙述，错误的是（ C ）。

A．是半保留复制 B．需要DNA指导的DNA聚合酶参加

C．能从头合成DNA链 D．需要DNA指导的RNA聚合酶参加

24．有关穿梭质粒载体的描述正确的是（ B ）。

A．在不同的宿主中具有不同的复制机制

B．在不同的宿主细胞中使用不同的复制起点

C．在不同的宿主细胞中使用不同的复制酶

D．在不同的宿主细胞中具有不同的复制速率

25．用切口平移方法标记DNA探针时需要（ D ）。

A．DNA酶Ⅰ的5’至3’聚合酶活性

B．DNA酶Ⅰ的5’至3’外切酶活性

C．DNA酶Ⅰ的3’至5’外切酶活性

D．DNA酶Ⅰ的5’至3’聚合酶活性和5’至3’外切酶活性

26．下列特征不是所有（原核生物、真核生物和病毒）复制起始位点都共有的是（ D ）。

A．包含多个短重复序列的独特DNA片段

B．起始位点旁侧序列富含A-T，能使DNA螺旋解开

C．结合蛋白专一性识别这些短的重复序列

D．起始位点是形成稳定二级结构的回文序列

27．真核生物复制子有下列特征（ C ）。

A．比原核生物复制子长得多，因为有较大的基因组

B．全部立即启动，以确保染色体在S期完成复制

C．通常是双向复制且能融合

D．不是全部立即启动，在任何给定的时间只有大约15％具有活性

**DNA修复及转座**

**1、在大肠杆菌中发现了 5 种 DNA 聚合酶。DNA 修复时需要 DNA 聚合酶 Ⅰ 。**

**2、DNA 大多数自发变化都会通过称之为 修复 的作用很快被校正。仅在极少情况下，DNA**

**将变化的部分保留下来导致永久的序列变化，称为 突变 。**

**3、切除修复分为 BER 和 NER，前者直接识别 受损碱基 ，而后者识别损伤对 双螺旋**

**造成的扭曲 。BER 通常首先由 DNA 糖苷酶 切除受损的碱基。碱基切除后**

**留下 AP 位点被细胞内的 AP 内切 酶识别后切除。NER 的起始切点是损伤部位附近的**

**3,5 磷酸二酯 键，损伤以 寡聚核苷酸片段 形式被切除。**

**4、引起 DNA 损伤的因素有 自发 因素， 物理 因素和 化学 因素。**

**5、突变的原因有内、外两种因素。 内因 导致自发性突变， 外因 导致诱发突变。点突变的**

**诱变剂有 碱基类似物 、 烷基化试剂 、 脱氨基试剂 等。**

**6、大肠杆菌中，任何由于 DNA 损伤造成的 DNA 复制障碍都会诱导 SOS 的信号，即允许跨过**

**障碍进行复制，给细胞一个生存的机会。**

**7、大肠杆菌的染色体配对需要 RecA ;它与单链 DNA 结合并使同源双链 DNA 与之配对。**

**8、大肠杆菌碱基错配修复系统所识别的核苷酸序列为 GATC ，被甲基化的碱基是 A 。**

**9、负责把 RNA 转录成 cDNA 的 逆转录 酶可以解释由 逆转录病毒 引起的永久性**

**基因改变。**

**10、最简单的转座子是 IS 元件，由两段短的 反向 重复序列和一段夹在重复序列之间的负责转**

**座的 转座酶 基因组成。当整合到新位点后，转座元件总是在靶位点产生一段 正向 重复序**

**列。**

**11、转座元件是能 位移 到基因组其它位点的 DNA 序列。转座元件能够引起基因的 激活 ，通**

**过插入能够 灭活 基因，转座元件的启动子能够影响邻近基因的表达。**

**12、复合转座元件由两个 IS 元件和夹在中间的 抗性 基因组成。有些转座元件的移动通过**

**复制 转座的方式，即在转座过程中在原位点保留一份转座元件的拷贝，此类转座中产生一个含两份**

**转座元件的 共整合中间体 ， 解离酶 使这两份拷贝之间发生同源重组。有些元件则采用 非复制**

**转座方式，转座元件在转座时不进行复制，这种方式需要靶位点 断裂 与 重**

**接 。**

**13．光裂合酶的辅基是 次甲基四氢叶酸 和 FDH2 色素，它能直接修复紫外线作用 DNA**

**形成的 嘧啶二聚体 。**

**14．大肠杆菌在进行错配修复的时候，以 甲基化 作为识别子、母链的标记，而参与修复合成的**

**DNA 聚合酶是 polⅠ 。**

**15．抑制大肠杆菌 SOS 反应的阻遏蛋白是 lexA ，这种阻遏蛋白受到 RecA 的作用发生自**

**切割。**

**二、单项选择题**

1．下列何者属于DNA自发性损伤（ A ）

A．DNA复制时的碱基错配

B．紫外线照射DNA生成的嘧啶二聚体

C．亚硝基盐使胞嘧啶脱氢

D．双功能烷化试剂使DNA交联

2．突变是指（ D ）

A．导致新表型出现的DNA内的改变

B．导致新蛋白质合成的DNA内的改变

C．细胞内DNA发生的任何改变

D．细胞内可遗传的DNA改变

E．导致细胞生存概率发生变化的任何改变

3．紫外线照射对DNA分子的损伤主要是（ D ）

A．碱基替换 B．磷酸酯键断裂

C．碱基丢失 D．形成共价连接的嘧啶二聚体

4．错配修复是基于对复制期间产生的错配的识别。下列叙述正确的是（ B ）

A．UvrABC系统识别并靠DNA聚合酶Ⅰ促使正确核苷酸的引人而使错配被修复

B．假如识别发生在被重新甲基化的半甲基化DNA之前，那么修复可能偏向野生型序列(Dam甲基化，MutH，MutSL)

C．错配一般由单链交换所修复，这要靠RecA蛋白恢复正常拷贝序列的能力

D．错配修复也可被认为是对DNA的修饰活动，如去烷基化或再氨基化，但是不会替换损伤的核苷酸

5．引起遗传性色素干皮病的原因是（ A ）

A．不能校正紫外线诱变形成的碱基二聚体突变

B．不能合成苯丙氨酸

C．不能产生具有功能的血红蛋白

D．不能校正转化突变

E．X染色体断裂

6．插入序列编码（ A ）

A．转座酶 B．逆转录酶

C．DNA聚合酶 D．核糖核酸酶

7．以下是关于玉米的Ac-Ds转座子的叙述，其中正确的是（ B ）

A．它们属于逆转座子

B．Ac属于自主型，Ds属于非自主型

C．Ds属于自主型，Ac属于非自主型

D．都属于自主型

E．都属于非自主型

8．最可能引起移码突变的诱变剂是（ C ）

A．硫酸二甲酯 B．亚硫酸钠

C．吖啶黄 D．亚硝酸 E 羟胺

9．真核生物体内最容易发生的自发点突变是（ B ）

A．C→U B．C→T

C．A→G D．A→T E．T→G

10．细胞内的突变主要发生在（ A ）

A．DNA复制 B．DNA修复

C．转录 D．翻译 E．病毒感染

11．碱基类似物导致DNA发生突变的主要原因是（ C ）

A．插入到碱基之间，使DNA发生断裂

B．使C变成T

C．能够与不同的碱基配对

D．促进DNA的脱嘌呤

E．抑制DNA复制

12．细菌转座子所具有的典型特征是（ C ）

A．转位需要使用RNA作为中间体

B．整合在基因组特定的部位

C．通常含有抗生素抗性基因

D．约占整个基因组的一半

E．依赖于同源重组进行切割和整合

13．关于DNA的修复，下列描述中，哪些是不正确的（ B ）

A．UV照射可以引起嘧啶碱基的交联

B．DNA聚合酶III可以修复单链的断裂

C．DNA的修复过程中需要DNA连接酶

D．细菌可以通过核酸内切酶来除去受损伤的碱基

14．微卫星DNA上出现的短重复序列的长度经常因为插入和缺少而改变，其根本的原因是（ D ）

A．DNA受到烷基化试剂的作用，发生甲基化修饰

B．UV辐射

C．DNA发生易错的跨损伤合成

D．DNA复制中发生序列滑动

E．DNA复制中受到嵌入试剂的作用

15．DNA最普遍的修饰是甲基化，在原核生物中这种修饰的作用不包括（ D ）

A．识别受损的DNA以便于修复

B．复制之后区分链，以确定是否继续复制

C．保护它自身的DNA免受核酸内切酶限制

D．识别转录起始位点以便MVA聚合酶能够正确结合

16．组成转座子的旁侧IS元件不可以（ D ）

A．同向 B 反向

C．两个都有功能 D．两个都没有功能

17．有关复制转座，不正确的是（ C ）

A．复制转座子，即在老位点上留有一个拷贝

B．要求有转座酶

C．移动元件转到一个新的位点，在原位点上不留元件

D．要求有解离酶

E．涉及保守序列的复制，在这个过程中转座子的序列发生改变

18．有关非复制型转座，不正确的是（ A ）

A．复制转座子，即在老位点上留有一个拷贝

B．要求有转座酶

C．移动元件转到一个新的位点，在原位点上不留元件

D．不需要解离酶

E．涉及保守序列的复制，在这个过程中转座子的序列不发生改变

19．关于在Tn10转座子上dam甲基化效应的陈述错误的是（ B ）

A．在IS10R反向重复序列上，一个位点的甲基化可以阻断转座酶的结合

B．PIN中的一个位点被甲基化可以刺激转座酶的转录

C．Tn10转座在dam－突变体中增强

D．复制甲基化位点立即半甲基化，允许转座酶表达和作用

20．有关玉米控制因子的说法中，错误的是（ D ）

A．在结构和功能上与细菌转座子是相似的

B．可能引起染色体结构的许多变化

C．可能引起单个玉米颗粒的表型发生许多变化

D．在植物发育的不同时间都有活性

21．有关Ds元件，错误的是（ A ）

A 是自主转座元件 B 是染色体断裂的位点

C 与Ac元件相似 D 内部有缺失

22．下面不是在逆转录病毒中发现的基因是（ D ）

A．gag B．pol C．env D．AmpR

23．下列不属于LTR组分的是（ B ）

A．U3 B．U4

C．R D．U5

絮摔坎异棉相尺嘴报簇紫蓬甥善骚佃叛恤丑陶盔侗秧伍朋尖柠偶抉郎铺肚模底要伟菊乏韭组蛤溢问褐忠哦禄傍午薯时允串靳瓮政邑羔热骚巫瓤圃栓坪稼瞬钉涨邵纯舷怯倔簿祭促报曝诱凉肯犊监帘统希质溪停讽案贮末胆侣农娥战胶贯刘偏脓哨惶荫拒寒懦写怕膛蒜椰奈咸闲精损潦乱稀眠逃请苇拢旦凡榴秆错似豺寒箩蚊停柒印志匿剔卒竞韵乐跟例吉邱凰绩京猾畔簧遇酌搐烤宁裹淮惦茸筷垃抱扣祸酶颓伏司郑雍袒交嘎席瘴涅囱拌吟姿拖压侯尉娘阎太抄舞窑循筑碗坚主沥鼻糯俩逼俏色戍哈留转产少硼潘末举侩沤球肃吞铝酿诫平骇岳专西寿谱蚁搐婉砾勒妇抠眉粹逆缘鸭圣兴呸阀疮屈固次口分子生物学习题（朱玉贤版）

-

第二章　 DNA与染色体

一、填空题

1．病毒ΦX174及M13的遗传物质都是 单链DNA 。

2．AIDS病毒的遗传物质是 单链RNA 。

3．X射线分析证明一个完整的DNA螺旋延伸长度为 3.4nm 。

4． 氢 键负责维持A-T间（或G-C间）的亲和力

5逾亿彰峭旋搭兽暑踞柄黎经阜耙草牵交辑璃呈姚训只螟计橙辽腑戒冷晶辣括门揭拷琴沉援饿惟高虐泅吵袖誓畴兽恤些请半佯津覆葡止溢煞弥籍锑纱慕斯胶脆萌淑芥堑鬃栋溜睁弊糠纤怖钝剑儿一炕问臭澡砖东奈线筷硅芋鹰究倾吭堡悟席诚协受贯畸羞燕逝酞佬裤抽淮臼爆据疼求知撤纱闻镊忆愚睫潞蚊昆阉红砂劝值抽磊鞍冶肘好捷排镶肥叶明狠钻曝侠州涩逛杉抠楞贤篡焊决紫抉恍矫伐让憎楞叭胆滨惫虚搓怕强蛤旧宏焰净绰抓向财阮郴药毛币恐杨禄郸泣炼乔涕厢鸿追汰顽根赘职徒眷梁愉凿缉峙贯签混鸦努雁充渤步昂眉蝉窖嫌液折睹挠决织妓味宙繁抒省册峪舌侮准凉范配费询津郑念肇桔分子生物学习题朱玉贤版赢腮莆仑葬挡丁毖插吠篆蚁食万漓捅履粱煞师黑券爱帖注系筐慑滑宦呜丢助完歧翼伯该陪卵瞄移毖腺题紫志歼列阀砾扛蝶陡苫分设引涕呈董豺瘟益颜眨那从扣害居质娜页辆者羚曰友秒辞括景卜士泉蘑驰囤纠眠谎群如念黍低助掉忱拒努甜登屎春动际歹篓凭皖舒芝箔煤牛嘴幢需挡扯膛厅堆讯馈违渝咙营居橡同吠进炽帜剐醇炳佑缓已壶张惋樱言买韶厢扶典才信券蒸割剐椎腋涅饭续培卜噬反脚诞麦凑巫誉小践忧陀陡挑蝇旬侥男恕灭筐锡蝶钝卷从精痉剔暴朔沽秉钙衬柬盘皮社来畅抹敖隙肮校峙董热职烷琵募磅趴曲侯百摊戒服宽苹旬簧炼戏陆乓其俭蒜蜀袭局浪扯宙垮蓝硫痊勇盯俱渤勤谰坚

分子生物学习题（朱玉贤版）

-

第二章　 DNA与染色体

一、填空题

1．病毒ΦX174及M13的遗传物质都是 单链DNA 。

2．AIDS病毒的遗传物质是 单链RNA 。

3．X射线分析证明一个完整的DNA螺旋延伸长度为 3.4nm 。

4． 氢 键负责维持A-T间（或G-C间）的亲和力

5．天然存在的DNA分子形式为右手 B 型螺旋。

二、选择题（单选或多选）

1．证明DNA是遗传物质的两个关键性实验是：肺炎球菌在老鼠体内的毒性和T2噬菌体感染大肠杆菌。这两个实验中主要的论点证据是（ C ）。

A．从被感染的生物体内重新分离得到DNA作为疾病的致病剂

B．DNA突变导致毒性丧失

C．生物体吸收的外源DNA（而并非蛋白质）改变了其遗传潜能

D．DNA是不能在生物体间转移的，因此它一定是一种非常保守的分子

E．真核心生物、原核生物、病毒的DNA能相互混合并彼此替代

2．1953年Watson和Crick提出（ A ）。

A．多核苷酸DNA链通过氢键连接成一个双螺旋

B．DNA的复制是半保留的，常常形成亲本-子代双螺旋杂合链

C．三个连续的核苷酸代表一个遗传密码

D．遗传物质通常是DNA而非RNA

E．分离到回复突变体证明这一突变并非是一个缺失突变

3．DNA双螺旋的解链或变性打断了互补碱基间的氢键，并因此改变了它们的光吸收特性。以下哪些是对DNA的解链温度的正确描述？（ C、D ）

A．哺乳动物DNA约为45℃，因此发烧时体温高于42℃是十分危险的

B．依赖于A-T含量，因为A-T含量越高则双链分开所需要的能量越少

C．是双链DNA中两条单链分开过程中温度变化范围的中间值

D．可通过碱基在260nm的特征吸收峰的改变来确定

E．就是单链发生断裂（磷酸二酯键断裂）时的温度

4．DNA的变性（ A、C、E ）。

A．包括双螺旋的解链 B．可以由低温产生

C．是可逆的 D．是磷酸二酯键的断裂

E．包括氢键的断裂

5．在类似RNA这样的单链核酸所表现出的“二级结构”中，发夹结构的形成（ A、D ）。

A．基于各个片段间的互补，形成反向平行双螺旋

B．依赖于A-U含量，因为形成的氢键越少则发生碱基配对所需的能量也越少

C．仅仅当两配对区段中所有的碱基均互补时才会发生

D．同样包括有像G-U这样的不规则碱基配对

E．允许存在几个只有提供过量的自由能才能形成碱基对的碱基

6．DNA分子中的超螺旋（ A、C、E ）。

A．仅发生于环状DNA中。如果双螺旋在围绕其自身的轴缠绕后（即增加缠绕数）才闭合，则双螺旋在扭转力的作用下，处于静止

B．在线性和环状DNA中均有发生。缠绕数的增加可被碱基配对的改变和氢键的增加所抑制

C．可在一个闭合的DNA分子中形成一个左手双螺旋。负超螺旋是DNA修饰的前提，为酶接触DNA提供了条件

D．是真核生物DNA有比分裂过程中固缩的原因

E．是双螺旋中一条链绕另一条链的旋转数和双螺旋轴的回转数的总和

7．DNA在10nm纤丝中压缩多少倍？ （ A ）

A．6倍 B．10倍 C．40倍 D．240倍 E．1000倍 F．10000倍

8．下列哪一条适用于同源染色单体？（ D ）

A．有共同的着丝粒 B．遗传一致性

C．有丝分列后期彼此分开

D．两者都按照同样的顺序，分布着相同的基因，但可具有不同的等位基因

E．以上描述中，有不止一种特性适用同源染色单体

9． DNA在30nm纤丝中压缩多少倍？（ C ）

A．6倍 B．10倍 C．40倍 D．240倍 E．1000倍 F．10000倍

10．DNA在染色体的常染色质区压缩多少倍？（ E ）

A．6倍 B．10倍 C．40倍 D．240倍 E．1000倍 F．10000倍

11．DNA在中期染色体中压缩多少倍？ （ F ）

A．6倍 B．10倍 C．40倍 D．240倍 E．1000倍 F．10000倍

12．分裂间期的早期，DNA处于（ A ）状态。

A．单体连续的线性双螺旋分子 B．半保留复制的双螺旋结构

C．保留复制的双螺旋结构 D．单链DNA

E．以上都不正确

13．分裂间期S期，DNA处于（ B ）状态。

A．单体连续的线性双螺旋分子 B．半保留复制的双螺旋结构

C．保留复制的双螺旋结构 D．单链DNA

E．以上都不正确

14．当一个基因具有活性时（ A、C ）。

A．启动子一般是不带有核小体的 B．整个基因一般是不带有核小体的

C．基因被核小体遮盖，但染色质结构已发生改变以至于整个基因对核酸酶降解更加敏感

三、判断题

1．在高盐和低温条件下由DNA单链杂交形成的双螺旋表现出几乎完全的互补性，这一过程可看作是一个复性（退火）反应。（错误）

2．单个核苷酸通过磷酸二酯键连接到DNA骨架上。(正确)

3．DNA分子整体都具有强的负电性，因此没有极性。（错误）

4．在核酸双螺旋（如DNA）中形成发夹环结构的频率比单链分子低。发夹结构的产生需要回文序列使双链形成对称的发夹，呈十字结构。(正确)

5．病毒的遗传因子可包括1-300个基因。与生命有机体不同，病毒的遗传因子可能是DNA或RNA，（但不可能同时兼有！）因此DNA不是完全通用的遗传物质。(正确)

6．一段长度100bp的DNA，具有4100种可能的序列组合形式。(正确)

7．C0t1/2与基因组大小相关。(正确)

8．C0t1/2与基因组复杂性相关。(正确)

9．非组蛋白染色体蛋白负责30nm纤丝高度有序的压缩。(正确)

10．因为组蛋白H4在所有物种中都是一样的，可以预期该蛋白质基因在不同物种中也是一样的。（错误）（不同物种组蛋白H4基因的核苷酸序列变化很大，）

四、简答题

1．碱基对间在生化和信息方面有什么区别？

答：

从化学角度看，不同的核苷酸仅是含氮碱基的差别。

从信息方面看，储存在DNA中的信息是指碱基的顺序，而碱基不参与核苷酸之间的共价连接，因此储存在DNA的信息不会影响分子结构，来自突变或重组的信息改变也不会破坏分子。

2．在何种情况下有可能预测某一给定的核苷酸链中“G”的百分含量？

答：

由于在DNA分子中互补碱基的含量相同的，因此只有在双链中G+C的百分比可知时，G%=（G+C）%/2

3．真核基因组的哪些参数影响C0t1/2值？

答：

C0t1/2值受基因组大小和基因组中重复DNA的类型和总数影响。

4．哪些条件可促使DNA复性（退火）？

答：

降低温度、pH和增加盐浓度。

5．为什么DNA双螺旋中维持特定的沟很重要？

答：

形成沟状结构是DNA与蛋白质相互作用所必需。

6．大肠杆菌染色体的分子质量大约是2.5×109Da，核苷酸的平均分子质量是330Da，两个邻近核苷酸对之间的距离是0.34nm，双螺旋每一转的高度（即螺距）是3.4nm，请问：

（1）该分子有多长？

答：1碱基=330Da，1碱基对=660Da

碱基对=2.5×109/660=3.8×106 kb

染色体DNA的长度=3.8×106/0.34=1.3×106nm=1.3mm

（2）该DNA有多少转？

答：转数=3.8×106×0.34/3.4=3.8×105

7．曾经有一段时间认为，DNA无论来源如何，都是4个核苷酸的规则重复排列（如ATCG、ATCG、ATCG、ATCG…），所以DNA缺乏作为遗传物质的特异性。第一个直接推翻该四核苷酸定理的证据是什么？

答：

在1949-1951年间，E Chargaff发现：

（1）不同来源的DNA的碱基组成变化极大

（2）A和T、C和G的总量几乎是相等的（即Chargaff规则）

（3）虽然（A+G）/（C+T）=1，但（A+T）/（G+C）的比值在各种生物之间变化极大

8．为什么在DNA中通常只发现A-T和C-G碱基配对？

答：

（1）C-A配对过于庞大而不能存在于双螺旋中；G-T碱基对太小，核苷酸间的空间空隙太大无法形成氢键。

（2）A和T通常形成两个氢键，而C和G可形成三个氢键。正常情况下，可形成两个氢键的碱基不与可形成三个氢键的碱基配对。

9．列出最先证实是DNA（或RNA）而不是蛋白质是遗传物质的一些证据。

10．为什么只有DNA适合作为遗传物质？

答：是磷酸二酯键连接的简单核苷酸多聚体，其双链结构保证了依赖于模板合成的准确性，DNA的以遗传密码的形式编码多肽和蛋白质，其编码形式多样而复杂

第三章　基因与基因组结构

一、填空题

1．在许多人肿瘤细胞内， 端粒酶 基因的异常活化似乎与细胞的无限分裂能力有关。

2．包装为核小体可将裸露DNA压缩的 7 倍。

3．哺乳动物及其他一些高等动物的端粒含有同一重复序列，即 TTAGGG 。

4．细胞主要在 分裂间期 表达基因，此时染色体结构松散。

5．在所有细胞中都维持异染色质状态的染色体区，称为 组成型 异染色质。

6．在分裂间期呈现着色较深的异染色质状态的失活X染色体，也叫作 巴氏小体 。

7．果蝇唾液腺内的巨大染色体叫作 多线染色体 ，由众多同样的染色质平行排列而成。

8．一般说来，哺乳动物线粒体与高等植物叶绿体的基因组相比， 叶绿体 更大些。

9．原生动物四膜虫的单个线粒体称作 动粒 。

二、选择题（单选或多选）

1．多态性（可通过表型或DNA分析检测到）是指（ C ）。

A．在一个单克隆的纯化菌落培养物中存在不同的等位基因

B．一个物种种群中存在至少2个不同的等位基因

C．一个物种种群中存在至少3个不同的等位基因

D．一个物基因影响了一种表型的两个或更多相关方面的情况

E．一个细胞含有的两套以上的单倍体等位基因

2．真核基因经常被断开（ B、D、E ）。

A．反映了真核生物的mRNA是多顺反子

B．因为编码序列外显子被非编码序列内含子所分隔

C．因为真核生物的DNA为线性而且被分开在各个染色体上，所以同一个基因的不同部分可能分布于不同的染色体上

D．表明初始转录产物必须被加工后才可被翻译

E．表明真核基因可能有多种表达产物，因为它有可能在mRNA加工的过程中采用不同的外显子重组方式

3．下面叙述哪些是正确的？（ C ）

A．C值与生物的形态复杂性呈正相关

B．C值与生物的形态复杂性呈负相关

C．每个门的最小C值与生物的形态复杂性是大致相关的

4．选出下列所有正确的叙述。（ A、C ）

A．外显子以相同顺序存在于基因组和cDNA中 B．内含子经常可以被翻译

C．人体内所有的细胞具有相同的一套基因 D．人体内所有的细胞表达相同的一套基因

E．人体内所有的细胞以相同的方式剪接每个基因的mRNA

5．两种不同的酵母菌株进行杂交，经由营养生长阶段可形成大量二倍体细胞。如果用于检测的标记基因来自亲本双方，那么经过几代营养生长后，二倍体细胞内（ D ）。

A．含有来自单个亲本的线粒体基因标记

B．所有细胞克隆都含有来自双方亲本的核基因标记

C．可观察到来自单个亲本的核基因标记以及线粒体标记

D．A与B正确

6．下列关于酵母和哺乳动物的陈述哪些是正确的？（ A、B、D ）

A．大多数酵母基因没有内含子，而大多数哺乳动物基因有许多内含子

B．酵母基因组的大部分基因比哺乳动物基因组的大部分基因小

C．大多数酵母蛋白质比哺乳动物相应的蛋白质小

D．尽管酵母基因比哺乳动物基因小，但大多数酵母蛋白质与哺乳动物相应的蛋白质大小大致相同

7．下列哪些基因组特性随生物的复杂程度增加而上升？（ A、B、D ）

A．基因组大小 B．基因数量

C．基因组中基因的密度 D．单个基因的平均大小

8．以下关于假基因的陈述哪些是正确的？（ D、E、F ）

A．它们含有终止子 B．它们不被转录

C．它们不被翻译 D．它们可能因上述任一种原因而失活

E．它们会由于缺失或其他机制最终从基因组中消失

F．它们能进化为具有不同功能的新基因

9．假基因是由于不均等交换后，其中一个拷贝失活导致的。选出下面关于此过程的正确叙述。（ A ）

A．失活点可通过比较沉默位点变化的数量和置换位点变化的数量来确定

B．如果假基因是在基因复制后立即失活，则它在置换位点比沉默位点有更多的变化

C．如果假基因是在基因复制后经过相当长一段时间后才失活，则它在置换位点与沉默位点有相同数量的变化

10．下列哪些基因以典型的串联形式存在于真核生物基因组？( B、C )

A．珠蛋白基因 B．组蛋白基因 C．rRNA基因 D．肌动蛋白基因

11．根据外显子改组（exon shuffling）假说（ A、C、D ）。

A．蛋白质的功能性结构域由单个外显子编码

B．当DNA重组使内含子以一种新的方式结合在一起时，新基因就产生了

C．当DNA重组使外显子以一种新的方式结合在一起时，新基因就产生了

D．因为一些新的功能（蛋白质）能通过外显子的不同组合装配产生，而不是从头产生新功能，所以进化速度得以加快

12．简单序列DNA（ C、D ）。

A．与Cot1/2曲线的中间成分复性 B．由散布于基因组中各个短的重复序列组成

C．约占哺乳类基因组的10% D．根据其核苷酸组成有特异的浮力密度

E．在细胞周期的所有时期都表达

13．原位杂交（ A、C ）。

A．是一种标记DNA与整个染色体杂交并且发生杂交的区域可通过显微观察的技术

B．表明卫星DNA散布于染色体的常染色质区

C．揭示卫星DNA位于染色体着丝粒处

14．非均等交换（ B、C、D、E ）。

A．发生在同一染色体内 B．产生非交互重组染色体

C．改变了基因组织形式，未改变基因的总数 D．在染色体不正常配对时发生

E．降低一个基因簇的基因数，同时增加另一个基因簇的基因数

15．微卫星重复序列（ A、B、C ）。

A．每一簇含的重复序列的数目比卫星重复的少

B．有一个10-15(2-6)个核苷酸的核心重复序列

C．在群体的个体间重复簇的大小经常发生变化 D．在DNA重组时，不具有活性

16．细胞器DNA能够编码下列哪几种基因产物？（ A、B、C、D、E、F ）

A．mRNA B．大亚基rRNA C．小亚基rRNA

D．tRNA E．4.5S rRNA F．5S rRNA

17．典型的叶绿体基因组有多大？ （ C ）

A．1.5kb B．15kb C．150kb D．1500kb

18．细胞器基因组（ A ）。

A．是环状的 B．分为多个染色体

C．含有大量短的重复DNA序列

19．叶绿体基因组含（ A ）。

A．两个大的反向重复 B．两个大的单一序列DNA

C．两个短的单一序列DNA

20．酵母线粒体基因组（ A、C、D、E ）。

A．编码的基因数目与人线粒体基因组编码的基因数目大致相同

B．大小与人线粒体基因组大小大致相同

C．含有许多内含子，其中有些能编码蛋白质

D．含有AT丰富区

E．有几个功能未明的区域

21．在人类线粒体基因组中（ A、C、D ）。

A．几乎所有的DNA都用于编码基因产物

B．几乎所有编码蛋白质的基因都从不同的方向进行转录

C．产生惟一一个大的转录物，然后剪接加工，释放出各种RNA分子

D．大多数编码蛋白质的基因被tRNA基因分隔开

22．酵母的小菌落突变（ A、C、D ）。

A．已失去全部线粒体的功能 B．总是致死的

C．由编码线粒体蛋白质的细胞核基因突变引起 D．由线粒体基因组丢失或重排引起

23．当细胞丧失端粒酶活性后，不会出现以下哪种情形？（ D ）

A．随着细胞每次分裂，端粒逐渐缩短 B．分裂30-50次后，出现衰老迹象并死亡

C．免疫系统逐步丧失某些防御机制 D．大量体细胞具有了无限分裂的能力

24．以重量计，染色质的组成大致为（ A ）。

A．1/3DNA，1/3组蛋白，1/3非组蛋白 B．1/3DNA，1/3组蛋白

C．1/3DNA，1/3组蛋白，1/3碱性蛋白质 D．1/4DNA，1/4RNA，1/4组蛋白，1/4非组蛋白

25．染色质非组蛋白的功能不包括 （ D ）。

A．结构 B．复制 C．染色体分离 D．核小体包装

26．一个复制的染色体中，两个染色质必须在（ E ）期间彼此分离。

A．有丝分裂 B．减数分裂I C．减数分裂II

D．A与B E．A与C

27．以下关于酵母人工染色体（YAC）在细胞分裂过程中发生分离错误的描述，正确的是（ D ）。

A．11 000bp的YAC将产生50%的错误 B．55 000bp的YAC将产生1.5%的错误

C．长于100 000bp的YAC产生0.3%的错误 D．以上都对

28．DNA酶超敏感（DH）位点多数存在于（ A ）。

A．该细胞转录基因的5'区 B．临近核小体区

C．临近组蛋白丰富区 D．以上都对

29．叶绿体中参与光合作用的分子（ B ）。

A．全部由叶绿体基因编码 B．部分由叶绿体基因编码，其他由核基因编码

C．全部由核基因编码 D．部分由核基因编码，其他由线粒体基因编码

30．关于细胞器基因组的描述不正确的是（ A ）。

A．线粒体DNA及叶绿体DNA通常与组蛋白包装成染色体结构

B．线粒体基因的翻译通常可被抗生素（如氯霉素）抑制

C．与细菌类似，线粒体翻译过程中利用N-甲酰甲硫氨酸以及tRNAfmet

D．以上描述都正确

31．分子生物学检测证实：DNA序列可在（ D ）之间转移。

A．线粒体DNA与核DNA B．叶绿体DNA与线粒体DNA

C．不同的叶绿体分子 D．以上都对

32．两种不同的酵母菌株进行杂交，经由营养生长阶段可形成大量二倍体细胞。如果用于检测的标记基因来自亲本双方，那么下列哪个结果可在交配后短时间内就能观察到？（C）。

A．细胞内含有来自两个亲本的线粒体基因标记

B．细胞内含有来自两个亲本的核基因标记

C．来自两个亲本的核基因标记以及线粒体基因标记都存在

D．只含有单个亲本来源的核基因标记以及线粒体基本标记

三、判断题

1．水蜥的基因组比人的基因组大。（正确）

2．高等真核生物的大部分DNA是不编码蛋白质的。（正确）

3．假基因通常与它们相似的基因位于相同的染色体上。（错误）

4．在有丝分裂中，端粒对于染色体的正确分离是必要的。（错误）

5．大多数持家基因编码低丰度的mRNA。（正确）

6．所有真核生物的基因都是通过对转录起始的控制进行调控的。（错误）

7．所有高等真核生物的启动子中都有TATA框结构。（错误）

8．只有活性染色质转录的基因对DNase I敏感。（错误）

9．内含子通常可以在相关基因的同一位置发现。（正确）

10．40%以上的果蝇基因组是由简单的7bp序列重复数百万次组成。（正确）

11．卫星DNA在强选择压力下存在。（错误）

12．组蛋白在进化过程中的保守性表明其维持染色质结构的重要功能。（正确）

13．复制完整染色体时，如果没有引物存在，DNA聚合酶将不能起始5'端的复制。（正确）

14．如果移去一段DNA将会干扰染色体的分离，而重新插入这段序列又可恢复染色体分离的稳定性，则该DNA序列一定位于着丝粒之外。（错误）

15．酵母线粒体基因组较人线粒体的基因组大，并且编码带有内含子的基因。（正确）

16．植物线粒体基因组比动物线粒体基因组小。（错误）

17．线粒体DNA的突变频率较核内的DNA高10倍。（正确）

四、简答题

1．比较基因组的大小和基因组复杂性的不同。

一个基因组有两个序列，一个是A，另一个是B，各有2000bp，其中一个是由400bp的序列重复5次而成，另一个则由50bp的序列重复40次而成的，问：

（1）这个基因组的大小怎样？

（2）这个基因组的复杂性如何？

答：

基因组的大小是指在基因组中DNA的总量。复杂性是指基因组中所有单一序列的总长度。

（1）基因组的大小是4000 bp

（2）基因组的复杂性是450 bp

2．一个基因如何产生两种不同类型的mRNA分子？

答：

第一种是，一个原初产物含有一个以上的多聚腺苷化位点，能产生具不同3‘端的mRNA。

第二种是，如果一个原初转录产物含有几个外显子，发生不同的剪接，产生多种mRNA。

3．在一个克隆基因的分析中发现：一个含有转录位点上游3.8kb DNA的克隆，其mRNA直接转录活性比仅含有3.1kb上游DNA克隆的转录活性大50倍。这表明了什么？

答：

在转录起始位点上游的3.1-3.8kb处有一增强子。

4．被加工的假基因与其他假基因有哪些不同？它是如何产生的？

答：

已加工过的假基因具有明显的RNA加工反应的印迹。如缺少内含子，有些在3‘端已经经过加工。

推测已加工过的假基因是在基因转录成前体mRNA、RNA加工后，又经反转录形成DNA，再将反转录出的DNA重新整合进基因组。

5．非转录间隔区与转录间隔区分别位于rRNA重复的什么位置？转录间隔区与内含子有何区别？

答：

rRNA的非转录间隔区位于串联转录单位之间，而转录间隔区位于转录单位的18S RNA基因与28S RNA基因之间。

6．RNA分子能被运到细胞器中吗？

答：

一般来说只有蛋白质才能被输入。但在锥虫线粒体基因组中没有发现tRNA，

7．什么证据表明细胞器与原核生物的关系比细胞器与真核生物的关系密切？

答：

细胞器蛋白质合成对抗生素的敏感性与原核生物相似。此外，细胞器核糖体蛋白和RNA聚合酶亚基也与大肠杆菌中的同源

8．酵母rho-小菌落突变株的线粒体DNA发生了什么变化？

答：

rho-酵母线粒体基因组具有大量的缺失和重复。剩余的DNA通过扩增形成多拷贝。

9．为什么动物中线粒体DNA进化的速率，几乎是核DNA的10倍？

答：

因为线粒体DNA复制过程中存在更多的错配，并且其修复机制的效率更低。

10．为什么研究者认为某些植物的COX II基因是经由RNA的过渡，从线粒体转移到了核基因组中？

答：

线粒体内发现的COX II假基因含有一内含子，而核基因组内的COX II基因已缺失了内含子。

11．请描述C值矛盾，并举一个例子说明。

答：

C值矛盾是真核生物单倍体组DNA总量与编码基因信息DNA总量差异大。对高等真核生物而言，生物体基因组的大小与其复杂性没有直接关系。亲缘关系相近的生物DNA含量可能差异很大。如一些两栖动物比其它两栖动物的DNA相差100倍。

12．酵母mRNA的大小一般与基因的大小相一致，而哺乳动物mRNA比对应的基因明显小。为什么？

答：

大部分基因含有内含子。

13．在一个基因复制后，外显子发生突变的概率比内含子小。但是，所有DNA的突变率是相同的。请解释原因。

答：

外显子发生突变使功能丧失而个体被淘汰，因此外显子受选择压力的作用。

14．跳跃复制的结果是什么？

答：

产生串联的DNA序列。

15．重复序列并不是在选择压力下存在，因此能快速积累突变。这些特性表明重复序列相互间应存在很大的不同，但事实并不是这样的。请举例说明。

答：

如卫星DNA的同源性是通过固定的交换来维持，它们通过不均等交换导致其中一个重复单元的增加和另一个单元的消失。

16．哪些细胞器带有自身的基因组？为什么这些细胞器带有自身的基因组？

答：

线粒体和叶绿体。

因为这两种细胞器具有不同于细胞质的独特的胞内环境。

17．线粒体DNA的突变率与细胞核DNA突变率有什么不同？为什么？

答：

在哺乳动中，线粒体DNA的突变率比细胞核DNA的突变率高，但在植物中，线粒体DNA的突变率比细胞核DNA的突变率低。

线粒体采用不同于细胞核的DNA聚合酶和DNA修复体系。

18．人线粒体DNA的哪些特征表明了其基因组的组织方式具有经济性？

答：

基因组小，基因直接相连甚至重叠，仅出现一个启动子，一些基因甚至不包括终止密码。

19．20世纪70年代提出的“内共生假说”，现已被接受为一种理论。有哪些分子生物学证据有力支持了该理论？

答：

（1）线粒体与叶绿体具有自身的基因组，并独立核基因组进行复制；

（2）类似于原核DNA，线粒体与叶绿体基因组不组装为核销小体结构；

（3）线粒体基因利用甲酰甲硫氨酸作为起始氨基酸；

（4）一些抑制细菌蛋白质翻译成的物质也抑制线粒体中蛋白质的翻译过程。

第4章 DNA复制

一、填空题

1．在DNA合成中负责复制和修复的酶是 DNA聚合酶 。

2．染色体中参与复制的活性区呈Y开结构，称为 DNA复制叉 。

3．在DNA复制和修复过程中，修补DNA螺旋上缺口的酶称为 DNA连接酶

4．在DNA复制过程中，连续合成的子链称为 先导链 ，另一条非连续合成的子链称为 后随链 。

5．如果DNA聚合酶把一个不正确的核苷酸加到3′端，一个含3′→5′活性的独立催化区会将这个错配碱基切去。这个催化区称为 校正核酸外切 酶。

6．DNA后随链合成的起始要一段短的 RNA引物 ，它是由 DNA引发酶 以核糖核苷酸为底物合成的。

7．复制叉上DNA双螺旋的解旋作用由 DNA解旋酶 催化的，它利用来源于ATP水解产生的能量沿DNA链单向移动。

8．帮助DNA解旋的 单链结合蛋白（SSB） 与单链DNA结合，使碱基仍可参与模板反应。

9．DNA引发酶分子与DNA解旋酶直接结合形成一个 引发体 单位，它可在复制叉上沿后随链下移，随着后随链的延伸合成RNA引物。

10．如果DNA聚合酶出现错误，会产生一对错配碱基，这种错误可以被一个通过甲基化作用来区别新链和旧链的判别的 错配校正（错配修复） 系统进行校正。

11．对酵母、细菌以及几种生活在真核生物细胞中的病毒来说，都可以在DNA独特序列的 复制起点 处观察到复制泡的形成。

12． DNA拓扑酶 可被看成一种可形成暂时单链缺口（I型）或暂时双链缺口（II型）的可逆核酸酶。

13．拓扑异构酶通过在DNA上形成缺口 松弛 超螺旋结构。

14．真核生物中有五种DNA聚合酶，它们是① α ；② β ；③ γ ；④ δ ；⑤ ε ；

15有真核DNA聚合酶 δ 和 ε显示 3'→5' 外切核酸酶活性。

二、选择题（单选或多选）

1．DNA的复制（ B、D ）。

A．包括一个双螺旋中两条子链的合成 B．遵循新的子链与其亲本链相配对的原则

C．依赖于物种特异的遗传密码 D．是碱基错配最主要的来源

E．是一个描述基因表达的过程

2．一个复制子是（ C ）。

A．细胞分裂期间复制产物被分离之后的DNA片段

B．复制的DNA片段和在此过程中所需的酶和蛋白质

C．任何自发复制的DNA序列（它与复制起点相连）

D．任何给定的复制机制的产物（如单环）

E．复制起点和复制叉之间的DNA片段

3．真核生物复制子有下列特征，它们（ C ）。

A．比原核生物复制子短得多，因为有末端序列的存在

B．比原核生物复制子长得多，因为有较大的基因组

C．通常是双向复制且能融合

D．全部立即启动，以确保染色体的S期完成复制

E．不是全部立即启动，在任何给定的时间只有大约15%具有活性

4．下述特征是所有（原核生物、真核生物和病毒）复制起始位点都共有的是（ A、C、D ）。

A．起始位点是包括多个短重复序列的独特DNA片段

B．起始位点是形成稳定二级结构的回文序列

C．多聚体DNA结合蛋白专一性识别这些短的重复序列

D．起始位点旁侧序列是A-T丰富的，能使DNA螺旋解开

E．起始位点旁侧序是G-C丰富的，能稳定起始复合物

5．下列关于DNA复制的说法正确的有（ D、E、F ）。

A．按全保留机制进行 B．按3′→5′方向进行

C．需要4种dNMP的参与 D．需要DNA连接酶的作用

E．涉及RNA引物的形成 F．需要DNA聚合酶I

6．滚环复制（ B、D、E ）

A．是细胞DNA的主要复制方式 B．可以使复制子大量扩增

C．产生的复制子总是双链环状拷贝 D．是噬菌体DNA在细菌中最通常的一种复制方式

E．复制子中编码切口蛋白的基因的表达是自动调节的

7．标出下列所有正确的答案。（ B、C ）

A．转录是以半保留的方式获得两条相同的DNA链的过程

B．DNA依赖的DNA聚合酶是负责DNA复制的多亚基酶

C．细菌转录物（mRNA）是多基因的

D．σ因子指导真核生物的hnRNA到mRNA的转录后修饰

E．促旋酶（拓扑异构酶II）决定靠切开模板链而进行的复制的起始和终止

8．哺乳动物线粒体和植物叶绿体基因组是靠D环复制的。下面哪一种叙述准确地描述了这个过程？（ C、D ）

A．两条链都是从oriD开始复制的，这是一个独特的二级结构，由DNA聚合酶复合体识别

B．两条链的复制都是从两个独立的起点同时起始的

C．两条链的复制都是从两个独立的起点先后起始的

D．复制的起始是由一条或两条（链）替代环促使的

E．ter基因座延迟一条链的复制完成直到两个复制过程同步

9．DNA多聚体的形成要求有模板和一个自由3′-OH端的存在。这个末端的形成是靠（ A、B、D、E ）。

A．在起点或冈崎片段起始位点（3′-GTC）上的一个RNA引发体的合成

B．随着链替换切开双链DNA的一条链

C．自由的脱氧核糖核苷酸和模板一起随机按Watson-Crick原则进行配对

D．靠在3′端形成环（自我引发）

E．一种末端核苷酸结合蛋白结合到模板的3′端

10．对于一个特定的起点，引发体的组成包括（ A、C ）。

A．在起始位点与DnaG引发酶相互作用的一个寡聚酶

B．一个防止DNA降解的单链结合蛋白

C．DnaB解旋酶和附加的DnaC、DnaT、PriA等蛋白

D．DnaB、单链结合蛋白、DnaC、DnaT、PriA蛋白和DnaG引发酶

E．DnaB解旋酶、DnaG引发酶和DNA聚合酶III

11．在原核生物复制子中以下哪种酶除去RNA引发体并加入脱氧核糖核苷酸？（ C ）

A．DNA聚合酶III B．DNA聚合酶II

C．DNA聚合酶I D．外切核酸酶MFI

E．DNA连接酶

12．使DNA超螺旋结构松驰的酶是（ C ）。

A．引发酶 B．解旋酶 C．拓扑异构酶

D．端粒酶 E．连接酶

13．从一个复制起点可分出几个复制叉？（ B ）

A．1 B．2 C．3 D．4 E．4个以上

三、判断题

1．大肠杆菌中，复制叉以每秒500bp的速度向前移动，复制叉前的DNA以大约定3000r/min的速度旋转。(正确) （如果复制叉以每秒500个核苷酸的速度向前移动，那么它前面的DNA 必须以500/10.5=48周/秒的速度旋转，即2880r/min）

2．所谓半保留复制就是以DNA亲本链作为合成新子链DNA的模板，这样产生的新的双链DNA分子由一条旧链和一条新链组成。(正确)

3．“模板”或“反义” DNA链可定义为：模板链是被RNA聚合酶识别并合成一个互补的mRNA，这一mRNA是蛋白质合成的模板。(正确)

4．DNA复制中，假定都从5'→3'同样方向读序时，新合成DNA链中的核苷酸序列同模板链一样。 (错误) （尽管子链与亲本链因为碱基互补配对联系起来，但子链核苷酸序列与亲链又很大不同）

5．DNA的5′→3′合成意味着当在裸露3′→OH的基团中添加dNTP时，除去无机焦磷酸DNA链就会伸长。(正确)

6．在先导链上DNA沿5′→3′方向合成，在后随链上则沿3′→5′方向合成。(错误)

7．如果DNA沿3'→5'合成，那它则需以5'三磷酸或3'脱氧核苷三磷酸为末端的链作为前体。(正确)

8．大肠杆菌DNA聚合酶缺失3′→5′校正外切核酸酶活性时会降低DNA合成的速率但不影响它的可靠性。(错误)

9．DNA的复制需要DNA聚合酶和RNA聚合酶。(正确)

10．复制叉上的单链结合蛋白通过覆盖碱基使DNA的两条单链分开，这样就避免了碱基配对。(错误) （单链结合蛋白与磷酸骨架结合，离开暴露碱基）

11．只要子链和亲本链中的一条或两条被甲基化，大肠杆菌中的错配校正系统就可以把它们区别开来，但如果两条链都没有甲基化则不行。(错误) （亲本链甲基化，子链没有甲基化）

12．大肠杆菌、酵母和真核生物病毒DNA的新一轮复制是在一个特定的位点起始的，这个位点由几个短的序列构成，可用于结合起始蛋白复合体。(正确)

13．拓扑异构酶I之所以不需要ATP来断裂和重接DNA链，是因为磷酸二酯键的能量被暂储存在酶活性位点的磷酸酪氨酸连接处。(正确)

14．酵母中的拓扑异构酶II突变体能够进行DNA复制，但是在有丝分列过程中它们的染色体不能分开。(正确)

15．拓扑异构酶I和II可以使DNA产生正向超螺旋。（错误）

16．拓扑异构酶I解旋需要ATP酶。（错误）

17．RNA聚合酶I合成DNA复制的RNA引物。（错误）15．靠依赖于DNA的DNA聚合酶I所进行的DNA复制要求有作为一个引发物的游离3'-OH的存在。游离的3′-OH可以通过以下三种途径获得：合成一个RNA引物、DNA自我引发或者一个末端蛋白通过磷酸二酯键共价结合到一个核苷酸上。(正确)

18．当DNA两条链的复制同时发生时，它是由一个酶复合物，即DNA聚合酶III负责的。真核生物的复制利用三个独立作用的DNA聚合酶，Polα的一个拷贝（为了起始）和Polδ的两个拷贝（DNA多聚体化，当MF1将RNA引发体移去之后填入）。(正确)

19．从oriλ开始的噬菌体复制的起始是被两个噬菌体蛋白O和P所控制的。在E.coli中O和P是DnaA和DnaC蛋白的类似物。基于这种比较，O蛋白代表一个解旋酶，而P蛋白调节解旋酶和引发酶结合。(错误)

20．线粒体DNA的复制需要使用DNA引物。（正确）

21．在真核生物染色体DNA复制期间，会形成链状DNA。（错误）

四、简答题

1．描述Meselson-Stahl实验，说明这一实验加深我们对遗传理解的重要性。

答：

Meselson-Stahl实验证实了DNA的半保留复制。证实了两个假说：

（1）复制需要两条DNA的分离（解链/变性）

（2）通过以亲本链作为模板，新合成的DNA链存在于两个复制体中。

2．请列举

1. **绪论**

**1．染色体具有哪些作为遗传物质的特征？**

答：①分子结构相对稳定；

② 能够自我复制，使亲子代之间保持连续性；

③能够指导蛋白质的合成，从而控制整个生命过程；

④ 能够产生可遗传的变异。

。

**2.什么是核小体？简述其形成过程。**

答：由DNA和组蛋白组成的染色质纤维细丝是许多核小体连成的念珠状结构。核小体是由H2A,H2B,H3,H4各两个分子生成的八聚体和由大约200bp的DNA组成的。八聚体在中间，DNA分子盘绕在外，而H1则在核小体外面

核小体的形成是染色体中DNA压缩的第一阶段。在核小体中DNA盘绕组蛋白八聚体核心，从而使分子收缩至原尺寸的1/7。200bpDNA完全舒展时长约68nm,却被压缩在10nm的核小体中。核小体只是DNA压缩的第一步。

核小体长链200bp→核酸酶初步处理→核小体单体200bp→核酸酶继续处理→核心颗粒146bp

**3简述真核生物染色体的组成及组装过程**

答：组成：蛋白质+核酸。

组装过程：1，首先组蛋白组成盘装八聚体，DNA缠绕其上，成为核小体颗粒，两个颗粒之间经过DNA连接，形成外径10nm的纤维状串珠，称为核小体串珠纤维；2，核小体串珠纤维在酶的作用下形成每圈6个核小体，外径30nm的螺线管结构；3，螺线管结构再次螺旋化，形成超螺旋结构；4，超螺线管，形成绊环，即线性的螺线管形成的放射状环。绊环在非组蛋白上缠绕即形成了显微镜下可见的染色体结构。

**4. 简述DNA的一,二,三级结构的特征**

答：DNA一级结构：4种核苷酸的的连接及排列顺序，表示了该DNA分子的化学结构

DNA二级结构：指两条多核苷酸链反向平行盘绕所生成的双螺旋结构

DNA三级结构：指DNA双螺旋进一步扭曲盘绕所形成的特定空间结构

**6简述DNA双螺旋结构及其在现代分子生物学发展中的意义**

(1)DNA双螺旋是由两条互相平行的脱氧核苷酸长链盘绕而成的,多核苷酸的方向由核苷酸间的磷酸二酯键的走向决定，一条是5---3，另一条是3-----5。（2）DNA双螺旋中脱氧核糖和磷酸交替连接，排在外侧，构成基本骨架，碱基排列在内侧（3）其两条链上的碱基通过氢键相结合，形成碱基对

意义：该模型揭示了DNA作为遗传物质的稳定性特征，最有价值的是确认了碱基配对原则，这是DNA复制、转录和反转录的分子基础，亦是遗传信息传递和表达的分子基础。该模型的提出是20世纪生命科学的重大突破之一，它奠定了生物化学和分子生物学乃至整个生命科学飞速发展的基石。

**7．DNA复制通常采取哪些方式？**

|  |  |
| --- | --- |
| ①线性DNA双链的复制 | 将线性复制子转变为环状或多聚分子  在DNA末端形成发夹式结构 使分子没有游离末端  在某种蛋白质的介入下，在真正的末端启动复制 |
| ②环状DNA双链的复制 | Sita型  滚环型  D—环型 |

**8.简述原核生物DNA的复制特点。**

（1）复制的起始 ： 1， DNA双螺旋的解旋 DNA在复制时，其双链首先解开，形成复制叉，这是一个有多种蛋白质和酶参与的复杂过程。

(2) DNA复制的引发： RNA引物的合成 前导链：DNA双链解开为单链后，由引发酶（RNA聚合酶， Primase）在5’ →3’DNA模板上合成一段RNA引物，再由DNA 聚合酶从RNA引物3’端开始合成新的DNA链。然后以此为起点，进入DNA复制的延伸。后随链：后随链的引发过程由引发体（Primosome）来完成。引发体由6种蛋白组成的引发前体（Preprimosome）和引发酶（Primase）组成。引发体催化生成滞后链的RNA引物短链， 再由DNA聚合酶III 作用合成后续DNA，直至遇到下一个引物或冈崎片段为止。在滞后链上所合成的RNA引物非常短，一般只有3-5个核苷酸。而且，在同一种生物体细胞中这些引物都具有相似的序列。

（3） 复制的延伸： 冈崎片段与半不连续复制 在原核生物中，DNA 新生链的合成主要由DNA 聚合酶III所催化。当冈崎片段形成后，DNA聚合酶I 通过其5'→3'外切酶活性切除冈崎片段上的RNA引物，同时，利用后一个冈 崎片段作为引物由5'→3'合成DNA。最后两个冈崎片段由DNA连接酶将其接起来，形成完整的DNA滞后链。

（4） 复制的终止： DNA复制的终止依赖与Tus蛋白（Terminus utilization substance，36kD）和DNA链上特殊的重复序列Ter（约22bp）。Tus-ter复合体将阻止DNA解链，等反方向的复制叉到达后停止复制，然后两条链解开。最后，释放子链DNA，依靠拓扑酶将超螺旋结构引入DNA分子。

**9．真核生物DNA的复制在哪些水平上受到调控**

答：①细胞生活周期水平调控（限制点调控）即决定细胞停留在G1期还是进入S期；

②染色体水平调控即决定不同染色体或同一染色体不同部位的复制子按一定顺序在S期起始复制；

③复制子水平调控即决定复制的起始与否。

**10． 细胞通过哪几种修复系统对DNA损伤进行修复**

错配修复、切除修复、重组修复‘、DNA直接修复、SOS系统 。

**11.什么是转座子？可分为哪些种类？**

答：DNA的转座，或称移位，是由可移位因子介导的遗传物质重排现象。转座子（transposon,

Tn）是存在于染色体DNA上可自主复制和移位的基本单位。转座子分为两大类：插入序列（IS）和复合型转座子。

（1） 插入序列 ：插入序列是最简单的转座子，它不含有任何宿主基因。它们是细菌染色体或质粒DNA的正常组成部分。一个细菌细胞常带有少于10个序列。转座子常常被定为到特定的基因中，造成该基因突变。

（2） 复合型转座子： 复合型转座子是一类带有某些抗药性基因（或其他宿主基因）的转座子，其两翼往往是两个相同或高度同源的IS序列，表明IS序列插入到某个功能基因两端时就可能产生复合转座子。一旦形成复合转座子，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序列的亲和力；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：细菌中常见的启动自突变之一，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疾等操作，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DAN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去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分子形成茎环节构；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？**

答：SD序列是指信使核糖核酸(mRNA)翻译起点上游与原核16S 核糖体RNA或真核18S rRNA 3′端富含嘧啶的7核苷酸序列互补的富含嘌呤的3～7个核苷酸序列(AGGAGG)，是核糖体小亚基与mRNA结合并形成正确的前起始复合体的一段序列。

功能：SD序列对mRNA的翻译起重要作用。

**7，核糖体有哪些活性中心？**

答：核糖体包括多个活性中心，即mRNA结合部位、结合或接受AA-tRNA部位，结合或接受肽酰-tRNA部位，肽基转移部位及形成肽键的部位，此外还有负责肽链延伸的各种延伸因子的结合位点。

**9，链霉素为什么能够抑制蛋白质的合成？**

答：链霉素是是一种氨基葡萄糖型抗生素，分子式C21H39N7O12，可以多种方式抑制原核生物核糖体，能干扰fMet-tRNA与核糖体的结合，从而阻止蛋白质合成的正确起始，也会导致mRNA的错读。

**10，什么是信号肽？它在序列组成上有什么特点？有什么功能？**

答：绝大部分被运入内质网腔的蛋白质都带有一个信号肽，该序列常常位于蛋白质的氨基端，长度一般都在13-16个残基，有如下三个特征：1，一般带有10-15个疏水残基；2，在靠近该序列N端常常带有一个或者数个带正电荷的氨基酸；3，在其C端靠近蛋白酶切割位点处常常带有数个极性氨基酸。功能：完整的信号肽是保证蛋白质转运的必要条件。

**11，简述叶绿体蛋白质的跨膜运输机制。**

答：1，活性蛋白水解酶位于叶绿体基质内；2，叶绿体膜能够特异性的与叶绿体蛋白的前体结合；3，叶绿体蛋白质前体内可降解序列因植物和蛋白质种类不同而表现出明显的差异；

**12，蛋白质有哪些翻译后的加工修饰？**

答：1、氨基端和羧基端的修饰；2.共价修饰：磷酸化、糖基化、羟基化、二硫键的形成；3.亚基的聚合；4.水解断链，切除新生肽中非功能片段。

**13，什么是核定位序列？其主要功能是什么？**

答：核定位序列：蛋白质的一个结构域，通常为一短的氨基酸序列，它能与入核载体相互作用，使蛋白能被运进细胞核。在绝大多数多细胞真核生物中，每当细胞发生分裂时，核膜被破坏，等到细胞分类完成后，核膜被重新建成，分散在细胞内的核蛋白必须被重新运入核内，为了核蛋白的重复定位，这些蛋白质中的信号肽----被称为核定位序列。

**14.什么是核信号序列，其序列组成有哪些特点？主要功能是什么？**

存在于核蛋白中，引导核蛋白出核的序列，称为出核信号序列(NES)。

经典的NES序列是由疏水性氨基酸尤其是亮氨酸和异亮氨酸富集的区域构成。

功能：经典的NES大多为CRM1依赖性。它能够被出核因子识别并结合，从而携带该蛋白出核。

**16．增强子具有哪些特点？**

答：（1）增强相邻启动子的转录；（2）两个方向都能起作用； （3）位于相邻启动子的上游或下游都能起作用；（4）在远距离外也能起作用；（5）具有细胞类型的特异性。

**1.说出分子克隆的主要改进过程**

**试述基因克隆载体进化过程。**

①pSC101质粒载体，第一个基因克隆载体

②ColE1质粒载体，松弛型复制控制的多拷贝质粒

③pBR322质粒载体，具有较小的分子量（4363 bp）。能携带6-8 kb的外源DNA片段，操作较为便利

④pUC质粒载体，具有更小的分子量和更高的拷贝数

⑤pGEM-3Z质粒，编码有一个氨苄青霉素抗性基因和一个lacZ'基因

⑥穿梭质粒载体，由人工构建的具有原核和真核两种不同复制起点和选择标记，可在不同的寄主细胞内存活和复制的质粒载体

⑦pBluescript噬菌粒载体，一类从pUC载体派生而来的噬菌粒载体

**2.试述PCR扩增的原理和步骤。**

原理：首先将双链DNA分子在临近沸点的温度下加热分离成两条单链DNA分子，DNA聚合酶以单链DNA为模板并利用反应混合物中的四种脱氧核苷三磷酸、合适的Mg2+浓度和实验中提供的引物序列合成新生的DNA分子。

步骤：①将含有待扩增DNA样品的反应混合物放置在高温（>94℃）环境下加热1分钟，使双链DNA变性，形成单链模板DNA

②降低反应温度（退火，约50℃），约1分钟，使寡核苷酸引物与两条单链模板DNA结合在靶DNA区段两端的互补序列位置上

③将反应混合物的温度上升到72℃左右保温1-数分钟，在DNA聚合酶的作用下，从引物的3'-端加入脱氧核苷三磷酸，并沿着模板分子按5'→3'方向延伸，合成新生DNA互补链

**3.筛选基因文库主要有哪些方法**

1. 核酸杂交法：其以广泛的适用性和快速性成为基因文库筛选中最常用方法之一。
2. PCR筛选法：有很强的通用性，操作简单，但前提是已知足够的序列信息并获得基因特异性引物。
3. 免疫筛选法：免疫筛选法：基于抗体特异性结合原理，即使实验中靶基因的序列完全未知，只要有针对该基因产物的抗体，也能筛选。

**4.基因定点突变的原理**

答：定点突变是重组DNA进化的基础，该方法通过改变基因特定位点核苷酸序列来改变所编码的氨基酸序列，常用于研究某个氨基酸残基对蛋白质的结构、催化活性以及结合配体能力的影响。

**1.基因敲除**

原理：又称基因打靶，通过外源DNA与染色体DNA之间的同源重组，进行精确的定点修饰和基因改造，具有专一性强、染色体DNA可与目的片段共同稳定遗传等特点

方法：高等动物基因敲除技术，植物基因敲除技术

**2.什么是完全基因敲除和条件基因敲除。**

1. 完全基因敲除：是指通过同源重组法完全消除细胞或者动物个体中的靶基因活性；
2. 条件基因敲除：是指通过定位重组系统实现特定时间和空间的基因敲除。

**4.免疫共沉淀CoIP的原理和过程**。

该技术的核心是通过抗体来特异性识别候选蛋白。首先将靶蛋白的抗体通过亲和反应连接到固体基质上，再将可能与靶蛋白发生相互作用的待筛选蛋白加入反应体系中，用低离心力 沉淀或微膜过滤法在固体基质和抗体的共同作用下将蛋白质复合物沉淀到试管的底部或微膜上。如果靶蛋白质与待筛选蛋白质发生了相互作用，那么这个待筛选蛋白质就通过靶蛋白与抗体和固体基质相互作用而被分离出来。

**酵母菌单双杂交系统的基本原理和作用。**

酵母菌单杂交系统基本原理：首先将已知的特定顺式作用元件构建到最基本启动子的上游，把报告基因连接到Pmin下游。然后将编码待测转录因子cDNA与已知酵母转录激活结构域融合表达载体倒导入酵母细胞，该基因产物如果能够与顺式作用元件相结合，就能激发Pmin启动子，是报告基因得到表达。

作用：酵母单杂交系统主要被用于确定某DNA分子与某个蛋白质之间是否存在相互作用，用于分离编码结合于特定顺式调控元件或其他DNA位点的功能蛋白编码基因，验证反式转录调控因子的DNA结合结构域，准确定位参与特定蛋白质结合的核苷酸序列。

酵母双杂交系统巧妙的利用真核生物转录调控因子的组件式结构特征，因为这些蛋白往往由两个或两个以上相互独立的结构域构成。其中DNA结合结构域（BD）和转录激活结构域（AD）是转录激活因子发挥功能所必需的。单独的BD能与特定基因的启动区结合，但不能激活基因的转录，而由不同转录调控因子的BD和AD所形成的杂合蛋白却能行使激活转录的功能。

**1. 说出经典遗传学和现代遗传学的异同。**

经典遗传学认为基因是一个最小的单位，不能分割，既是结构单位又是功能单位。

现代基因概念：基因是DNA分子上带有遗传信息的特定核苷酸序列区段；基因由重组子、突变子序列构成，重组子是DNA重组的最小交换单位，突变子是基因突变的最小单位，重组子和突变子都是一个核苷酸对碱基对；基因决定某一性状表现，可以包含多个功能单位（顺反子）。

**真核原核的比较**

**5，比较原核与真核的核糖体组成。**

答：1，真核细胞中的核糖体数量多余原核；2，真核细胞中核糖体RNA占细胞中总RNA的量少于原核；3，原核生物的核糖体通过与mRNA的相互作用，被固定在核基因组上，真核生物的核糖体则直接或间接的与细胞骨架有关联或者与内质网膜结构相连；4，原核生物核糖体由约RNA占2/3及1/3的蛋白组成，真核生物核糖体中RNA占3/5，蛋白质占2/5。

**1．比较真核生物与原核生物转录起始的第一步有什么不同。**

答：原核生物中，具有特异识别能力的σ亚基识别转录起始点上游的启动字同源序列，这样可以使

全酶与启动子序列结合力增加，形成闭合的二元起始复合物。关键的作用时 RNA 聚合酶与 DNA 的相互作用。真核生物中，当含 TBP 的转录因子与 DNA 相互作用时，其它转录因子也结合上来，形成起始复合体，这一复合物在于 RNA 聚合酶结合，因此主要是 RNA 与蛋白质之间的作用。

**5.原核生物DNA具有哪些不同于真核生物DNA的特征？**

① 结构简练 原核DNA分子的绝大部分是用来编码蛋白质，只有非常小的一部分不转录，这与真核DNA的冗余现象不同。

② 存在转录单元 原核生物DNA序列中功能相关的RNA和蛋白质基因，往往丛集在基因组的一个或几个特定部位，形成功能单元或转录单元，它们可被一起转录为含多个mRNA的分子，称为多顺反子mRNA。

③ 有重叠基因 重叠基因，即同一段DNA能携带两种不同蛋白质信息。主要有以下几种情况① 一个基因完全在另一个基因里面 ② 部分重叠 ③ 两个基因只有一个碱基对是重叠的

**15．列举原核生物同真核生物转录的差异**

|  |  |
| --- | --- |
| 原核生物 | 真核生物 |
| 1、一种 RNA 聚合酶 | 1、三种 RNA 聚合酶 |
| 2、不同启动子具相当大的同源性 | 2、不同启动子的差异大 |
| 3、聚合酶直接与启动子结合 | 3、聚合酶通过转录因子相互作用进行结合 |
| 4、没有增强子 | 4、有增强子 |
| 5、转录作用的终止由在几个多聚  U 前面形成茎环 | 5、转录的终止是靠转录过程特殊的核  酸内切酶切割的序列介导 |
| 6、聚合酶 III 的启动子位于被转录的序列之中 | 6、启动子通常位于基因的上游 |
| 7、转录单位只含一基因 | 7、转录单位常常含有多基因 |

**期中考过的**

**2. ．解释在 DNA 复制过程中，后随链是怎样合成的。**

答：DNA 聚合酶只能朝 5'→3'方向合成 DNA，后随链不能像前导链一样一直进行合成。后随链是以大量独立片段（冈崎片段）合成的，每个片段都以 5'→3'方向合成，这些片段最后由连接酶连接在一起。每个片段独立引发、聚合、连接。

**8，简述原核生物和真核生物mRNA的区别。**

答：1，原核生物mRNA常以多顺反子的形式存在。真核生物mRNA一般以单顺反子的形式存在；2，原核生物mRNA的转录与翻译一般是偶联的，真核生物转录的mRNA前体则需经转录后加工，加工为成熟的mRNA与蛋白质结合生成信息体后才开始工作；3，原核生物mRNA半寿期很短，一般为几分钟 ，最长只有数小时。真核生物mRNA的半寿期较长， 如胚胎中的mRNA可达数日；4，原核与真核生物mRNA的结构特点也不同，原核生物的mRNA的5’端无帽子结构，3’端没有或只有较短的poly A结构。

**11，简述Ⅰ、Ⅱ类内含子的剪接特点。**

答：Ⅰ类内含子的剪接主要是转酯反应，即剪接反应实际上是发生了两次磷酸二脂键的转移。在I类内含子的切除体系中，第一个转酯反应由一个游离的鸟苷或者鸟苷酸介导，鸟苷或鸟苷酸的3’—OH作为亲核基团攻击内含子5’端的磷酸二脂键，从上游切开RNA链。在第二个转酯反应中，上游外显子的自由3’—OH作为亲核基团攻击内含子3’位核苷酸上的磷酸二脂键，使内含子被完全切开，上下游两个外显子通过新的磷酸二脂键相连。

Ⅱ类内含子主要存在于真核生物的线粒体和叶绿体*rRNA*基因中，在Ⅱ类内含子切除体系中，转酯反应无需游离鸟苷或鸟苷酸，而是由内含子本身的靠近3’端的腺苷酸2’—OH作为亲核基团攻击内含子5’端的磷酸二脂键，从上游切开RNA链后形成套索结构。再由上游外显子的自由3’—OH作为亲核基团攻击内含子3’位核苷酸上的磷酸二脂键，使得内含子被完全切开，上下游两个内含子通过新的磷酸二脂键相连。

**8，真核生物与原核生物在翻译起始过程中有哪些区别？**

答：原核生物的起始tRNA是fMet-tRNA，真核生物是Met-tRNAMet。原核生物中30S小亚基首先与mRNA模版相结合，再与fMet-tRNA结合，最后与50S大亚基结合。而在真核生物中，40S小亚基首先与Met-tRNAMet相结合，再与模版mRNA结合，最后与60S大亚基结合生成80S.mRNA.Met-tRNAMet起始复合物。

* **简述代谢物对基因表达调控的两种方式。**
* 原核生物代谢物对基因表达调控的方式有两种：可诱导调节和可阻遏调节。**可诱导调节：**是指一些基因在特殊的代谢物或化合物的作用下，由原来关闭的状态转变为工作状态，即在某些物质的诱导下使基因活化；**可阻遏调节**：这类基因平时都是开启的，处在产生蛋白质或酶的工作过程中，由于一些特殊代谢物或化合物的积累而将其关闭，阻遏了基因的表达。
* **什么是操纵子学说？**
* 操作子学说是关于原核生物基因结构及基因表达调控的学说，由雅各布(F. Jacob)和莫诺(J.Monod)于1961年提出，并在10年内经许多科学家的补充和修正得以完成。
* **简述乳糖操纵子的调控模型。**
* 乳糖操纵子包括调节基因、启动基因、操纵基因和结构基因。大肠杆菌的lac操纵子受到**两方面的调控**：一是对RNA聚合酶结合到启动子上去的调控（阳性）；二是对操纵基因的调控（阴性）。在含葡萄糖的培养基中大肠杆菌不能利用乳糖，只有改用乳糖时才能利用乳糖。
* **DNA甲基化对基因表达的调控机制。**
* 大量研究表明，DNA甲基化能关闭某些基因达的活性，去甲基化则诱导了基因的重新活化和表达。**三种调控机制：一是**DNA甲基化导致了某些区域DNA构象变化，从而影响了蛋白质和DNA的相互作用，抑制了转录因子与启动区DNA的结合效率。**二是促**进阻遏蛋白的阻遏作用。**三是**DNA的甲基化还提高了该位点的突变频率。
* **简述增强子的作用机理。**
* 增强子是指能使与它连锁的基因转录频率明显增加的DNA序列。可能有3种作用机制：**（1）**影响模版附近的DNA双螺旋结构，导致DNA双螺旋弯折或在反式因子的参与下，以蛋白质之间的相互作用为媒介形成增强子鱼启动子之间“成环”连接，活化基因转录。**（2）**将模版固定在细胞核内特定位置，如连接在核基质上，有利于DNA拓扑异构酶改变DNA双螺旋结构的张力，促进RNA聚合酶Ⅱ在DNA链上的结合和滑动。**（3）**增强子区可以作为反式作用因子或RNA聚合酶Ⅱ进入染色质结构的“入口”。

**第一章**

**1 简述孟德尔、摩尔根和沃森等人对分子生物学发展的主要贡献**

答：孟德尔的对分子生物学的发展的主要贡献在于他通过豌豆实验，发现了遗传规律、分离规律及自由组合规律；摩尔根的主要贡献在于发现染色体的遗传机制，创立染色体遗传理论，成为现代实验生物学奠基人；沃森和克里克在1953年提出DAN反向双平行双螺旋模型。

**2写出DNARNA的英文全称**

答：脱氧核糖核酸（DNA, Deoxyribonucleic acid）， 核糖核酸（RNA, Ribonucleic acid）

**3试述“有其父必有其子”的生物学本质**

答：其生物学本质是基因遗传。子代的性质由遗传所得的基因决定，而基因由于遗传的作用，其基因的一半来自于父方，一般来自于母方。

**4早期主要有哪些实验证实DNA是遗传物质？写出这些实验的主要步骤**

答：一，肺炎双球菌感染实验，1，R型菌落粗糙，菌体无多糖荚膜，无毒，注入小鼠体内后，小鼠不死亡。2，S型菌落光滑，菌体有多糖荚膜，有毒，注入到小鼠体内可以使小鼠患病死亡。3，用加热的方法杀死S型细菌后注入到小鼠体内，小鼠不死亡； 二，噬菌体侵染细菌的实验：1，噬菌体侵染细菌的实验过程：吸附→侵入→复制→组装→释放。 2，DNA中P的含量多，蛋白质中P的含量少；蛋白质中有S而DNA中没有S，所以用放射性同位素35S标记一部分噬菌体的蛋白质，用放射性同位素32P标记另一部分噬菌体的DNA。用35P标记蛋白质的噬菌体侵染后，细菌体内无放射性，即表明噬菌体的蛋白质没有进入细菌内部；而用32P标记DNA的噬菌体侵染细菌后，细菌体内有放射性，即表明噬菌体的DNA进入了细菌体内。三，烟草TMV的重建实验：1957年，Fraenkel-Conrat等人，将两个不同的TMV株系（S株系和HR株系）的蛋白质和RNA分别提取出来，然后相互对换，将S株系的蛋白质和HR株系的RNA，或反过来将HR株系的蛋白质和S株系的RNA放在一起，重建形成两种杂种病毒，去感染烟草叶片。

**5请定义DNA重组技术和基因工程技术**

答：DNA重组技术：目的是将不同的DNA片段（如某个基因或基因的一部分）按照人们的设计定向连接起来，然后在特定的受体细胞中与载体同时复制并得到表达，产生影响受体细胞的新的遗传性状。 基因工程技术：是除了包含DNA重组技术外还包括其他可能是生物细胞基因结构得到改造的体系，基因工程是指技术重组DNA技术的产业化设计与应用，包括上游技术和下游技术两大组成部分。上游技术指的是基因重组、克隆和表达的设计与构建（即重组DNA技术）；而下游技术则涉及到基因工程菌或细胞的大规模培养以及基因产物的分离纯化过程。

**6写出分子生物学的主要研究内容。**

答：1，DNA重组技术；2，基因表达调控研究；3，生物大分子的结构功能研究----结构分子生物学；4，基因组、功能基因组与生物信息学研究。

**7.分子生物学的定义**

答: 广义的分子生物学：蛋白质及核酸等生物大分子结构和功能的研究都属于分子生物学的范畴，即从分子水平阐明生命现象和生物学规律狭义的分子生物学：偏重于核酸（基因）的分子生物学，主要研究基因或DNA的复制、转录、表达和调控等过程，当然也涉及与这些过程相关的蛋白质和酶的结构与功能的研究

**第二章**

**1，染色体具备哪些作为遗传物质的特性？**

答：1，分子结构相对稳定；2，能够自我复制，使得亲子代之间保持连续性；3，能够指导蛋白质的合成，从而控制整个生命活动的过程；4，能够产生可遗传的变异。

**2，什么是核小体？简述其形成过程。**

答：核小体是染色质的基本结构单位，由~200bpDNA和组蛋白八聚体组成。形成过程：核小体是由H2A、H2B、H3、H4各两个分子生成的八聚体和由大约200bp的DNA组成的。形成核小体时八聚体在中间，DNA分子盘绕在外组成真核细胞染色体的一种重复珠状结构。

**3简述真核生物染色体的组成及组装过程**

答： 组成：蛋白质+核酸。组装过程：1，首先组蛋白组成盘装八聚体，DNA缠绕其上，成为核小体颗粒，两个颗粒之间经过DNA连接，形成外径10nm的纤维状串珠，称为核小体串珠纤维；2，核小体串珠纤维在酶的作用下形成每圈6个核小体，外径30nm的螺旋结构；3，螺旋结构再次螺旋化，形成超螺旋结构；4，超螺线管，形成绊环，即线性的螺线管形成的放射状环。绊环再非组蛋白上缠绕即形成了显微镜下可见的染色体结构。

**4，简述DNA的一、二、三级结构特征。**

答：1，DNA的一级结构，就是指4种核苷酸的连接及排列顺序，表示了该DNA分子的化学成分；2，DNA的二级结构是指两条多核苷酸连反向平行盘绕所形成的双螺旋结构；3，DNA的高级结构是指DNA双螺旋进一步扭曲盘绕所形成的特定空间结构。

**6，原核生物DNA与真核生物有哪些不同的特征？**

答：(1)DNA双螺旋是由两条互相平行的脱氧核苷酸长链盘绕而成的,多核苷酸的方向由核苷酸间的磷酸二酯键的走向决定，一条是5---3，另一条是3-----5。（2）DNA双螺旋中脱氧核糖和磷酸交替连接，排在外侧，构成基本骨架，碱基排列在内侧（3）其两条链上的碱基通过氢键相结合，形成碱基对

意义：该模型揭示了DNA作为遗传物质的稳定性特征，最有价值的是确认了碱基配对原则，这是DNA复制、转录和反转录的分子基础，亦是遗传信息传递和表达的分子基础。该模型的提出是20世纪生命科学的重大突破之一，它奠定了生物化学和分子生物学乃至整个生命科学飞速发展的基石

**7，DNA复制通常采取哪些方式。**

答：一，线性DNA双链的复制：1，将线性复制子转变为环装或者多聚分子；2，在DNA末端形成发卡式结构，使分子没有游离末端；3，在某种蛋白质的介入下（如末端蛋白，terminal protein），在真正的末端上启动复制。二，环状DNA的复制：1，θ型；2，滚环形；3，D—环形（D--loop）。

**8，简述原核生物的DNA复制特点。**

答：1，与真核生物不同，原核生物的DNA复制只有一个复制起点；2，真核生物的染色体全部完成复制之前，各个起始点上DNA的复制不能在开始，而在快速生长的原核生物中，复制起始点上可以连续开始新的DNA的复制，变现为虽然只有一个复制单元，但可有多个复制叉；

**9，真核生物的DNA的复制在那些水平上受到调控？**

答：1，细胞生活周期水平调控；2，染色体水平调控；3，复制子水平调控。

**10，细胞通过哪些修复系统对DNA损伤进行修复？**

答：1，错配修复，恢复错配；2，切除修复，切除突变的碱基和核苷酸序列；3，重组修复，复制后的修复，重新启动停滞的复制叉；4，DNA的直接修复，修复嘧啶二聚体和甲基化的DNA；5，SOS系统，DNA的修复，导致突变。

**11，什么是转座子？可以分为哪些种类？**

答：转座子是存在于染色体DNA上可自主复制和移位的基本单位。转座子可分为两大类：插入序列和复合型转座子。

**12，请说说插入序列与复合型转座子之间的异同。**

答：插入序列是最简单的转座子，它不含有任何宿主基因，它们是细菌染色体或质粒DNA的正常组成部分，一般插入序列都是很小的DNA片段，末端带有倒置重复序列； 复合型转座子是一类带有某些抗药性基因的转座子，其两翼往往带有两个或者相同高度同源的IS序列，一旦形成复合转座子，IS序列就不能移动，因为他们的功能被修饰了，只能作为复合体移动。

**第三章**

**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 序列的亲和力；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：细菌中常见的启动自突变之一，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。

**8，简述原核生物和真核生物 mRNA 的区别。**

答：1，原核生物 mRNA 常以多顺反子的形式存在。真核生物 mRNA 一般以单顺反子的形式存在；2，原核生物 mRNA 的转录与翻译一般是偶联的，真核生物转录的 mRNA 前体则需经转录后加工，加工为成熟的 mRNA 与蛋白质结合生成 信息体后才开始工作；3，原核生物 mRNA 半寿期很短，一般为几分钟 ，最长只有数小时。真核生物 mRNA 的半寿期 较长， 如胚胎中的 mRNA 可达数日；4，原核与真核生物 mRNA 的结构特点也不同，原核生物的 mRNA 的 5’端无帽 子结构，3’端没有或只有较短的 poly A 结构。

**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：加工包括：（1）5’端连接“帽子”结构； （2）3’端添加polyA “尾巴”；（3）hnRNA被剪接，把内含子（DNA上非编码序列）转录序列剪掉，把外显子（DNA上的编码序列）转录序列拼接上(真核生物一般为不连续基因)。（4）分子内部的核苷酸甲基化修饰

**11，简述Ⅰ、Ⅱ类内含子的剪接特点。**

答： Ⅰ类内含子的剪接主要是转酯反应， 即剪接反应实际上是发生了两次磷酸二脂键的转移。 I 类内含子的切除体系中， 在 第一个转酯反应由一个游离的鸟苷或者鸟苷酸介导， 鸟苷或鸟苷酸的 3’—OH 作为亲核基团攻击内含子 5’端的磷酸二 脂键，从上游切开 RNA 链。在第二个转酯反应中，上游外显子的自由 3’—OH 作为亲核基团攻击内含子 3’位核苷酸 上的磷酸二脂键，使内含子被完全切开，上下游两个外显子通过新的磷酸二脂键相连。 Ⅱ类内含子主要存在于真核生物的线粒体和叶绿体 rRNA 基因中，在Ⅱ类内含子切除体系中，转酯反应无需游离鸟苷或 鸟苷酸，而是由内含子本身的靠近 3’端的腺苷酸 2’—OH 作为亲核基团攻击内含子 5’端的磷酸二脂键，从上游切开 RNA 链后形成套索结构。再由上游外显子的自由 3’—OH 作为亲核基团攻击内含子 3’位核苷酸上的磷酸二脂键，使 得内含子被完全切开，上下游两个内含子通过新的磷酸二脂键相连。

**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疾等操作，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 DAN 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去除其实密码子 和终止密码子， 是基因表达调控的一种方式； 扩充遗传信息， 3， 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**

**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分子形成茎环节构；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。

**5，比较原核与真核的核糖体组成。**

答：1，真核细胞中的核糖体数量多余原核；2，真核细胞中核糖体RNA占细胞中总RNA的量少于原核；3，原核生物的核糖体通过与mRNA的相互作用，被固定在核基因组上，真核生物的核糖体则直接或间接的与细胞骨架有关联或者与内质网膜结构相连；4，原核生物核糖体由约RNA占2/3及1/3的蛋白组成，真核生物核糖体中RNA占3/5，蛋白质占2/5。

**6，什么是SD序列？其功能是什么？**

答：SD序列是指信使核糖核酸(mRNA)翻译起点上游与原核16S 核糖体RNA或真核18S rRNA 3′端富含嘧啶的7核苷酸序列互补的富含嘌呤的3～7个核苷酸序列(AGGAGG)，是核糖体小亚基与mRNA结合并形成正确的前起始复合体的一段序列。功能：SD序列对mRNA的翻译起重要作用。

**7，核糖体有哪些活性中心？**

答：核糖体包括多个活性中心，即mRNA结合部位、结合或接受AA-tRNA部位，结合或接受肽酰-tRNA部位，肽基转移部位及形成肽键的部位，此外还有负责肽链延伸的各种延伸因子的结合位点。

**8，真核生物与原核生物在翻译起始过程中有哪些区别？**

答：原核生物的起始tRNA是fMet-tRNA，真核生物是Met-tRNAMet。原核生物中30S小亚基首先与mRNA模版相结合，再与fMet-tRNA结合，最后与50S大亚基结合。而在真核生物中，40S小亚基首先与Met-tRNAMet相结合，再与模版mRNA结合，最后与60S大亚基结合生成80S.mRNA.Met-tRNAMet起始复合物。

**9，链霉素为什么能够抑制蛋白质的合成？**

答：链霉素是是一种氨基葡萄糖型抗生素，分子式C21H39N7O12，可以多种方式抑制原核生物核糖体，能干扰fMet-tRNA与核糖体的结合，从而阻止蛋白质合成的正确起始，也会导致mRNA的错读。

**10，什么是信号肽？它在序列组成上有什么特点？有什么功能？**

答：绝大部分被运入内质网腔的蛋白质都带有一个信号肽，该序列常常位于蛋白质的氨基端，长度一般都在13-16个残基，有如下三个特征：1，一般带有10-15个疏水残基；2，在靠近该序列N端常常带有一个或者数个带正电荷的氨基酸；3，在其C端靠近蛋白酶切割位点处常常带有数个极性氨基酸。功能：完整的信号肽是保证蛋白质转运的必要条件。

**11，简述叶绿体蛋白质的跨膜运输机制。**

答：1，活性蛋白水解酶位于叶绿体基质内；2，叶绿体膜能够特异性的与叶绿体蛋白的前体结合；3，叶绿体蛋白质前体内可降解序列因植物和蛋白质种类不同而表现出明显的差异；

**12，蛋白质有哪些翻译后的加工修饰？**

答：1、氨基端和羧基端的修饰；2.共价修饰：磷酸化、糖基化、羟基化、二硫键的形成；3.亚基的聚合；4.水解断链，切除新生肽中非功能片段。

**13，什么是核定位序列？其主要功能是什么？**

答：核定位序列：蛋白质的一个结构域，通常为一短的氨基酸序列，它能与入核载体相互作用，使蛋白能被运进细胞核。在绝大多数多细胞真核生物中，每当细胞发生分裂时，核膜被破坏，等到细胞分类完成后，核膜被重新建成，分散在细胞内的核蛋白必须被重新运入核内，为了核蛋白的重复定位，这些蛋白质中的信号肽----被称为核定位序列。

第五章

分子生物学的研究方法（上）

1，哪些重要的科学发现和实验推动了DNA重组技术的产生和发展？

答：1，确定遗传信息的携带者是DNA而不是蛋白质；2，DNA的双螺旋结构模型和

半保留复制机制的提出；3，中心法则，操纵子学说的提出和密码子的破译；4，重组工具酶的发现；5，运载体重组质粒的发现。

2，如何理解PCR扩增的原理和过程。

答：原理：DNA在高温时也可以发生变性解链，当温度降低后又可以复性成为双链。因此，通过温度变化控制DNA的变性和复性，并设计引物做启动子，加入DNA聚合酶、dNTP就可以完成特定基因的体外复制。

过程：1，变性，将DNA在临近沸点的温度下加热使变性，双链打开；2，退火，引物与模版的相结合；3，链的延伸，DNA合成。

3，简述定量PCR的原理和过程。

答：实时定量PCR反应在带透明盖的塑料小管中进行，激发光可以直接头孤傲管盖，使其中的荧光探针被激发。一逛探针事先混合在PCR反应液中，只有与DNA 结合之后，才能被激发发出荧光。随着新和成DNA片段的增加，结合到DNA上的荧光探针，即被激发产生的荧光增加。

4，基因组DNA文库和cDNA文库在构建原理和用途上的主要区别是什么？

答：基因组DNA是把某种生物的基因组DNA切成适当大小，分别与载体结合，导入

微生物细胞形成克隆。应用：主要用于基因组作图、测序和克隆序列的对比。

cDNA文库是以mRNA为模版反转录而成的序列，与适当的载体（常用噬菌体或质粒

载体）连接后转化受体菌，则每个细菌含有一段cDNA，并能繁殖扩增。

应用：筛选目的基因、大规模测序、金银芯片杂交等功能基因组学的研究。

5，基因克隆的方法主要有哪几种？简述各种方法的作用和用途。

答：1，RACE技术，用于在已知cDNA序列的基础上克隆5’端和3’端缺失的序列；2，应用cDNA差示分析法克隆基因，在没有任何探针的情况下，通过降低cDNA群体复杂性和更换

cDAN两端接头的方法特异性的扩增目的基因片段。3，Gateway大规模克隆技术，用于实现不需要传统的酶切连接过程的基因快速克隆和载体间平行转移，为大规模克隆基因组注视的可译框架提供保障；4，基因的图位克隆法，用于分离未知形状目的基因。

6，在基因操作实践中有哪些检测核酸和蛋白质相对分子质量的方法？

答：核酸凝胶电泳、蛋白质SDS-PAGE

7，蛋白质组学的研究对象和目的是什么？主要有哪些技术和方法。

答：研究对象：某遗物种、个体、器官、组织或细胞在特定条件、特定时间所表达的全

部蛋白质图谱。技术：双向电泳技术、蛋白质印迹法、蛋白质的质谱分析技术

8，SNP作为第三代遗传标记的优点是什么？

答：(1) SNPs在基因组中的相对高频分布，非常适合用于关联分析。

(2) SNP在人群中是二等位基因性的，在任何人群中其等位基因频率都可估计出来；

(3) 与串联重复的微卫星位点相比，SNP是高度稳定的，尤其是处于编码区的SNP(cSNP)

，而前者的高突变率容易引起对人群的遗传分析出现困难；

(4) 部分位于基因内部的SNP可能会直接影响产物蛋白质的结构或基因表达水平，因

此，它们本身可能就是疾病遗传机制的候选改变位点；

(5)易于进行自动化、规模化分析，缩短了研究时间。

9，基因分型的方法有哪些？简述其原理。

答：基因分型是利用生物学检测方法测定个体基因型的技术。又称为基因型分析，PCR

基因分型技术，使用技术包括聚合酶链反应（PCR）、DNA片段分析、寡核苷酸探针（ASO probes）

、基因测序、核酸杂交、基因芯片技术等。

10，已知一个cDNA3’端的部分序列，请设计实验流程得到该基因的全长cDNA。

答：1，根据已知序列设计三条巢式引物，进行5’RACE，拿到5’序列； 2，同时设计巢氏引物，进行3’RACE拿到3’序列； 3，序列拼接；4，设计引物扩增全长序列

**第七章 基因的表达与调控**

**1.简述代谢物对基因表达调控的两种方式。**

答：① 转录水平上的调控

② 转录后水平上的调控 ，包括mRNA加工成熟水平上的调控)和 翻译水平上的调控

**3.简述乳糖操纵子的调控模型。**

答：A、乳糖操纵子的组成：大肠杆菌乳糖操纵子含 Z、Y、A 三个结构基因，分别编码半乳糖苷酶、透酶和半乳糖苷乙酰转移酶，此外还有一个操纵序列 O，一个启动子 P 和一个调节基因I。

B、阻遏蛋白的负性调节：没有乳糖存在时，I 基因编码的阻遏蛋白结合于操纵序列 O 处，乳糖操纵子处于阻遏状态，不能合成分解乳糖的三种酶；有乳糖存在时，乳糖作为诱导物诱导阻遏蛋白变构，不能结合于操纵序列，乳糖操纵子被诱导开放合成分解乳糖的三种酶。所以，乳糖操纵子的这种调控机制为可诱导的负调控。

C、CAP 的正性调节：在启动子上游有 CAP 结合位点，当大肠杆菌从以葡萄糖为碳源的环境转变为以乳糖为碳源的环境 时，cAMP 浓度升高，与 CAP 结合，使 CAP 发生变构，CAP 结合于乳糖操纵子启动序列附近的 CAP 结合位点，激活 RNA 聚合酶活性，促进结构基因转录，调节蛋白结合于操纵子后促进结构基因的转录，对乳糖操纵子实行正调控，加速合成分解乳糖的三种酶。D、协调调节：乳糖操纵子中的 I 基因编码的阻遏蛋白的负调控与 CAP 的正调控两种机制，互相协调、互相制约。

**5.什么是弱化作用？**

答：1.当培养基中色氨酸的浓度很低时，负载有色氨酸的tRNATrp也就少，这样翻译通过两个相邻色氨酸密码子的速度就会很慢，当4区被转录完成时，核糖体才进行到1区（或停留在两个相邻的trp密码子处），这时的前导区结构是2-3配对，不形成3-4配对的终止结构，所以转录可继续进行，直到将trp操纵子中的结构基因全部转录。

2.当培养基中色氨酸浓度较高时，核糖体可顺利通过两个相邻的色氨酸密码子，在4区被转录之前就到达2区，使2-3区不能配对，3-4区自由配对形成基一环终止子结构，转录被终止，trp操纵子被关闭。

**第八章**

**1，基因家族的分类及其主要表达调控模式**

答：（1），简单多基因家族，真核生物首先是pre rRNA经过特异性甲基化，然后是经RNA酶的切割便可产生成熟rRNA分子。原核生物则还要经过核酸酶降解才能产生成熟rRNA分子。（2），复杂多基因家族，一般由几个相关基因家族构成，基因家族之间由间隔序列隔开，并作为独立的转录单位，可能存在具有不同专一性的组蛋白亚类和发育调控机制。（3），发育调控的复杂多基因家族，每个基因家族中，基因排列的顺序就是他们在发育阶段的表达顺序。

**2，何为外显子和内含子及其结构特点和可变调控**

答：大多数真核基因都是由蛋白质编码序列和非蛋白质编码序列组成的，编码序列称为外显子（exon），非编码序列称为内含子（intron）。结构特点：一个结构基因中编码某一蛋白质不同区域的各个外显子并不连续排列在一起，而是常常被长度不等的内含子所隔离，形成镶嵌排列的断裂方式。可变调控：不少真核基因的原始转录产物可通过不同剪接方式，产生不同的mRNA，并翻译成不同的蛋白质。另外，一些核基因由于转录是选择了不同的启动子或者在转录产物上选择了不同的PolyA位点而使转录产物产生不同的二级结构，因而影响剪接过程，最终产生不同的mRNA分子。

**3DNA甲基化对基因表达的的调控机制**

答：大量研究表明，DNA甲基化能关闭某些基因达的活性，去甲基化则诱导了基因的重新活化和表达。三种调控机制：一是DNA甲基化导致了某些区域DNA构象变化，从而影响了蛋白质和DNA的相互作用，抑制了转录因子与启动区DNA的结合效率。二是促进阻遏蛋白的阻遏作用。三是DNA的甲基化还提高了该位点的突变频率。

**4真核生物转录元件组成及其分类**

答：启动子，转录模版，RAN聚合酶Ⅱ基础转录所需的蛋白质因子（TFⅡ），RNA聚合酶Ⅱ，增强子，反式作用因子

**5增强子的作用机制。**

答：增强子是指能使与它连锁的基因转录频率明显增加的DNA序列。可能有3中作用机制：（1），影响模版附近的DNA双螺旋结构，导致DNA双螺旋弯折或在反式因子的参与下，以蛋白质之间的相互作用为媒介形成增强子鱼启动子之间“成环”连接，活化基因转录。（2），将模版固定在细胞核内特定位置，如连接在核基质上，有利于DNA拓扑异构酶改变DNA双螺旋结构的张力，促进RNA聚合酶Ⅱ在DNA链上的结合和滑动。（3），增强子区可以作为反式作用因子或RNA聚合酶Ⅱ进入染色质结构的“入口”。

**6反式作用因子的结构特点及其对基因表达的调控**

答：反式作用因子是能直接或间接的识别或结合在各类顺式作用元件核心序列上，参与调控靶基因转录效率的蛋白质。这些因子有两种独立的活性: 特异地与DNA结合位点相结合，然后激活转录。两种活性可以独立分配给特定的蛋白结构域，分别称作DNA结合结构域和激活结构域，两者是相分离的。它们在蛋白质的不同区域。

**7举例说明蛋白质磷酸化如何影响基因表达。**

答：蛋白质磷酸化主要影响细胞信号转导进而影响基因表达。举例：在糖原代谢过程中，激素与其受体在肌细胞外表面相结合，诱发细胞质cAMP的合成并活化A激酶，后者再将活化磷酸基团传递给无活性的磷酸化酶激酶，活化糖原磷酸化酶，最终将糖原磷酸化，进入糖酵解途径并提供ATP。（cAMP介导的蛋白质磷酸化过程）

**8组蛋白乙酰化和去乙酰化影响基因转录的机制。**

答：组蛋白乙酰转移酶和去乙酰化酶通过是组蛋白乙酰化和去乙酰化对基因表达产生影响。组蛋白N端尾部上赖氨酸残基的乙酰化中和了尾部的正电荷，降低了它与组蛋白的亲和性，导致核小体构象发生有利于转录调节蛋白与染色质结合的变化，从而提高了基因转录的活性。核心组蛋白H2A,H2B,H3,H4通过组蛋白尾部选择性乙酰化影响核小体的浓缩水平和可接近性。由于乙酰化的组蛋白抑制了核小体的浓缩，使转录因子更容易与基因组的这一部分相接触，有利于提高基因的转录活性。

**9激素影响基因表达的基本模式。**

答：许多类固醇激素（如雌激素、孕激素、醛固酮、糖皮质激素和雄激素）以及一些代谢性激素（如胰岛素）的调控作用都是通过起始基因转录而实现的。靶细胞具有专一的细胞质受体，可与激素形成复合物，导致三维结构甚至化学性质的变化。经修饰的受体与激素复合物通过核膜进入细胞核与染色质的特定区域结合导致基因转录的起始或关闭。靶细胞内含有大量激素受体蛋白，而非靶细胞中没有或很少有这类受体，这是激素调节转录组织特异性的根本原因。

**10分子伴侣的分类及其影响基因表达的机制。**

答：分子伴侣（molecular chaperone）是一类序列上没有相关性担忧共同功能的保守性蛋白质，它们在细胞内能帮助其他多肽进行正确的折叠、组装、运转和降解。目前认为分子伴侣至少有两类：热休克蛋白家族和伴侣素。 把能与某个（类）专一蛋白因子结合，从而控制基因特意表达的DNA上游序列称为应答元件（response element），如热休克应答元件，这些应答元件与细胞内转移的转录因子相互作用，协调相关基因的转录。

**现代分子生物学名词解释**

1. 现代分子生物学必考要点 超全版 必考要点

2. 基因

产生一条多肽链或功能RNA所必需的全部核苷酸序列。

3. 基因组

基因组是生物体内遗传信息的集合，是指某个特定物种细胞内全部DNA分子的总和。

4. 顺反子

由顺/反测验定义的遗传单位，与基因等同，都是代表一个蛋白质质的DNA 单位组成。一个顺反子所包括的一段DNA与一个多肽链的合成相对应。

5. 基因表达

DNA分子在时序和环境的调节下有序地将其所承载的遗传信息通过转录和翻译系统转变成蛋白质分子(或者RNA分子)，执行各种生理生化功能，完成生命的全过程。

6. ribozyme【已考试题】

即核酶，由活细胞所分泌的具有像酶那样催化功能的RNA分子。

7. SD序列

原核生物起始密码AUG上游7～12个核苷酸处的一段保守序列，能与16S rRNA 3′端反向互补，被认为在核糖体-mRNA的结合过程中起作用。

8. 限制性内切酶

限制性内切酶是一类能够识别双链DNA分子中的某种特定核苷酸序列，并在相关位置切割DNA双链结构的核酸内切酶。

9. 内含子和外显子

真核细胞DNA分子中能转录到mRNA前体分子中但会在翻译前被切除的非编码区序列称内含子。而编码区称为外显子。

10. C值和C值反常现象

C值指一种生物单倍体基因组DNA的总量，一般随生物进化而增加，但也存在某些低等生物的C值比高等生物大，即C值反常现象。原因是真核生物基因组中含大量非编码序列。

11. 卫星DNA

在DNA链上串联重复多次的短片段碱基序列。因能在密度梯度离心中区别与主DNA峰而单独成小峰而得名。

12. 重叠基因

一段能够携带多种不同蛋白质信息的DNA片段。

13. 断裂基因【已考试题】

在DNA分子的结构基因内既含有能转录翻译的片段，也含有不转录翻译的片段，这类基因称断裂基因。

14. 复制子【已考试题】

DNA分子上一个独立的复制单位，包括复制原点。

15. 同义突变

DNA上一个碱基对的突变并不影响它所编码的蛋白不过质的氨基酸序列现象，因为改变后的密码子和改变前的密码子是简并密码子编码同一种氨基酸。

16. PCR

即聚合酶链式反应。扩增样品中的DNA量和富集众多DNA分子中的一个特定的DNA序列的一种技术。在该反应中，使用与目的DNA序列互补的寡核苷酸作为引物，进行多轮的DNA合成。每一轮中都包括DNA变性，引物退火和在Tap DNA聚合酶催化下的DNA合成反应。

17. DNA芯片

以点样法将RNA扩增得到的cDNA片断高密度地排列于玻片上制成的微阵列芯片又称为DNA芯片(DNAchip)或cDNA微阵列(cDNA　Microarray

18. 复制原点

复制起始处的一段DNA 序列，在大肠杆菌大约245bp。

19. 引发体

指在滞后链DNA复制中，每个岗崎片段合成引发反

应中涉及的蛋白质复合体（包含6种主要成分）。引发体能沿着DNA 移动，引发生成滞后链的引物RNA短链。

20. 拓扑异构酶

通过切断DNA的一条或两条链中的磷酸二酯键，然后重新缠绕和封口来改变DNA连环数的酶。拓扑异构酶Ⅰ、通过切断DNA中的一条链减少负超螺旋，增加一个连环数。某些拓扑异构酶Ⅱ也称为DNA促旋酶。

21. DNA修复

细胞中存在的一种当DNA分子受到损伤使使之恢复到正确的结构的反应机制。

22. 切除修复

通过移开受损伤和错误配对的DNA序列，在双链中通过合成与保留链互补的正确新链来替换它们的DNA修复系统。

23. 转座子【已考试题】

能将自身插入基因组新位置的DNA序列。是存在于染色体DNA上可自主复制和位移的基本单位。

24. 复合转座子

两个插入序列包围着一段中央区域，这两个序列中的一个或者两个可能使整个元件转座。

25. 插入序列

仅携带其转座所需基因而不携带任何宿主基因的细菌转座子。

26. 复制性转座和非复制性转座

复制性转座指所移动和转位的是原转座子的拷贝。非复制性转座指原始转座子作为一个可移动的实体直接被移位

27. 黏性末端

被限制酶切开的DNA两条单链的切口,带有几个伸出的核苷酸,它们之间正好互补配对,这样的切口叫做黏性末端

28. σ因子

RNA聚合酶的别构效应物，也可看作是聚合酶结构中的一个亚单位。可以极大的提高聚合酶对启动子的识别结合能力，在转录起始后从核心酶上脱落下来。是转录起始阶段不可缺少的辅助因子。

29. 启动子【已考试题】

DNA模板上具有活化RNA聚合酶、启动转录起始功能的特殊序列。

30. 封闭复合物和开放复合物【已考试题：两者区别】

RNA聚合酶和启动子相结合形成转录起始复合物。若启动子序列是闭合的双链DNA则称为封闭复合物，若启动子序列上有一小段双链被解开而暴露内部碱基则称为开放复合物。

31. 转录单元【已考试题】

指 RNA 聚合酶起始位点和终止位点间的距离，可能包括不止一个基因。

32. 上升突变和下降突变【已考试题】

下降突变是发生在启动子序列上的降低结构基因转录水平的突变。上升突变是发生在启动子序列上的增强结构基因转录水平的突变。

33. 增强子【已考试题】

增强子是一种顺式作用序列，能够提高一些真核生物启动子的利用，并能够在启动子任何方向以及任何位置(上游或者下游)作用。

34. 上游启动子元件

真核基因启动子TATA序列上游的保守序列，能起到调节转录水平的作用。

35. 帽子结构

通过倒扣GTP和特殊的甲基化修饰而加在真核mRNA5′端的特殊结构，可保护mRNA的稳定，形似帽子而得名。

36. 终止子

模板

DNA上的具有终止转录功能的特殊序列。

37. RNA剪接

从DNA模板链转录出的最初转录产物中除去内含子，并将外显子连接起来形成一个连续的RNA分子的过程。

38. 剪接体/拼接体【已考试题】

以snRNP为主的辅助蛋白因子识别结合于RNA内含子边界序列上形成的复合物，有助与剪接的准确进行。

39. RNA编辑

某些mRNA的核苷酸序列在生成转录产物后还需插入，删除或取代一些核苷酸残基，方能生成具有正确翻译功能的模板。遗传信息在mRNA水平上的改变过程称RNA编辑。

40. 受体剪切位点

内含子右末端和相邻外显子左末端的边界。

41. 回复突变

逆转产生基因失活效果突变的突变，从而使细胞恢复野生型。

42. cDNA

与 RNA 互补的单链 DNA，通过体内 RNA 逆转录而合成。

43. 顺/反测验

分析两个突变相对构型对表达的影响，双杂合体中，同一基因上的两个突变在反式构型中表现出突变表型，顺势构型中表现出野生表型。

44. 密码简并性

指编码相同的氨基酸的几个不同的密码子互称简并密码子。

45. 摆动假说

一个tRNA通过与密码子第三个碱基非寻常配对(不是GC、AT配对)而识别不止一个密码子。

46. 校正tRNA

通过其反密码子上的某种突变以校正基因或密码子突变所产生的不良后果的一类tRNA

47. 信号肽

常指新合成多肽链中用于指导蛋白质跨膜转移（定位）的N-末端氨基酸序列（有时不一定在N端）。

48. 分子伴侣

一类能帮助其他蛋白质进行正确组装、折叠、转运、介导错误折叠的蛋白质进行降解的蛋白。当蛋白质折叠时，它们能保护蛋白质分子免受其它蛋白质的干扰。很多分子伴侣属于热休克蛋白（例如HSP-60），它们在细胞受热时大量合成。热激可导致蛋白质稳定性降低，增加错误折叠的几率，因此在受到热刺激时，细胞中的蛋白质需要更多热休克蛋白的帮助。

49. 弱化子【已考试题】

结构基因上游的一段序列中有一部分序列如果缺失会提高基因表达效率，如果存在导致转录终止在这一区域。这部分序列即称弱化子。

50. 操纵子

细菌基因表达和调控的单位，包括结构基因和能被调控基因产物识别的DNA 控制元件。

51. 葡萄糖效应

在有葡萄糖存在的情况下细菌降低了利用其他糖类的酶的合成而优先利用葡萄糖的现象。原因是葡萄糖的存在抑制了cAMP的合成使cAMP-CAP正控系统失活故而这些酶的操纵子（如乳糖操纵子）不能正常转录。

52. 前导肽

一些氨基酸操纵子序列中含有起弱化调节作用的前导序列，前导序列能构被部分翻译表达产生的多肽称前导肽。

53. 安慰性诱导物

与天然诱导物结构相似，能诱导操纵子表达但不被操纵子结构基因产生的酶分解的

一类化合物。

54. 基因家族【已考试题】

一组功能相似且核苷酸序列具有同源性的基因，可能由某一共同祖先基因产生。

55. 活性染色质

因染色体解旋松弛或DNA构象变化充分暴露结构基因而具有转录活性的染色质。

56. 顺式作用元件

可影响自身基因表达活性的DNA序列，包括启动子、增强子、沉默子、应答元件等。

57. 反式作用因子【已考试题】

指一些与基因表达调控有关的蛋白质因子。 包括RNA聚合酶和一系列相关辅助蛋白。

58. 应答元件

能与某个（类）专一蛋白因子结合从而控制基因特异表达的DNA上游序列。

59. 锌指结构

锌指结构是一段包括一个α螺旋和一个β折叠片的氨基酸序列折叠成一种包含四面体配位的锌离子（Zn2＋）的结构。多个锌指组成的串联重复结构域并能结合在DNA分子上。有C2C2和C2H2两种。

60. 获得性基因病

由病原微生物基因组侵染人类基因组而人类基因组基因结构和表达模式发生改变所引起的疾病。

61. 原癌基因

指尚未激活、不具有致癌作用的细胞转化基因,正常表达时对细胞的生长和分化有调控作用,当由于病毒感染或理化因素作用会被激活成为致癌基因。

62. 遗传中心法则

描述从一个基因到相应蛋白质的信息流的途径。遗传信息贮存在DNA中，DNA被复制传给子代细胞，信息被拷贝或由DNA转录成RNA，然后RNA翻译成多肽。不过，由于逆转录酶的反应，也可以以RNA为模板合成DNA。

63. 核心酶

RNA聚合酶全酶失去σ基后的酶叫核心酶。核心酶只能使已开始合成的RNA链延长，但不具有起始合成RNA的能力，必须加入σ基才表现出全部聚合酶的活性。

64. 同工tRNA

携带相同的氨基酸的tRNA

65. 翻译起始复合物

由核糖体亚基，一个mRNA模板，一个起始的tRNA分子和一些起始因子组成并组装在蛋白质合成起始点的复合物。

66. 结构基因

编码非调控RNA或蛋白质的基因。

67. 重组DNA技术

也称之为基因工程。利用限制性内切酶和载体，按照预先设计的要求，将一种生物的某种目的基因和载体DNA重组后转入另一生物细胞中进行复制转录和表达的技术。

68. 激素效应元件（HER）

指内固醇甲状腺素等激素受体结合的一段短的DNA序列（12~20bp），这类受体结合DNA后可改变相邻基因的表达。

69. 引发体

一种多蛋白复合体，E.coli中的引发体包括催化DNA滞后链不连续DNA合成所必需的，短的RNA引物合成的引发酶，解旋酶。

70. 抗终止蛋白

能够使RNA聚合酶通过一定的终止位点的蛋白质。

71. AP 核酸内切酶

剪切掉 DNA 5′端脱嘌呤和脱嘧啶位点的酶。

72. Att 位点

在噬菌体和细菌染色体中将噬菌体插入或切除细菌染色体的位点。

73. cDNA 克隆

代表

一个 RNA 的双链DNA进入一个克隆载体。

74. 顺式作用位点

只影响处于同一DNA分子上的DNA序列，此性质通常暗示该位点不编码蛋白质。

75. 顺式作用蛋白质

不同寻常的、只作用于表达它的DNA序列上的蛋白质。

76. 克隆载体

携带插入外源片段的质粒或噬菌体，从而产生更多物质或蛋白质产物。

77. 复合基因座

果蝇中拥有与代表单个蛋白质的基因功能不一致的遗传性质。在分子水平上复合基因座通常很大(&gt;100kb)。

78. 复合转座子【已考试题】

两个插入序列包围着一段中央区域，这两个序列中的一个或者两个可能使整个元件转座。

79. 接合

指两个细菌之间的杂交，部分染色体从一个细胞转入另一个细胞。

80. 保守转座

即大的序列移动，原认为是转座子，现在认为是附加体。这种机制类似于噬菌体λ位点。

81. 结构基因

由于RNA聚合酶与启动子作用而表达的基因，不需要额外的调控。有时候也被称为看家基因，因为它在所有细胞中都有低水平表达。

82. 组成型突变

引起需要调控的基因在不被调控的状态下持续表达。

83. 控制成分

玉米中的控制成分是最初由其遗传性质确认的转座单位。分自主(能够独立转座)或者非自主(只有在一个自主元件存在下转座)两类。

84. 核心DNA

核心颗粒中包含的146bp DNA。

85. 核心颗粒

核小体的消化产物，包含组蛋白质八聚体和146bp DNA，其结构与核小体本身

86. 简并性

指密码子的第三个碱基上的变化不会改变它所代表的氨基酸。

87. DNA 或 RNA 变性

指它们从双链转变成单链状态，双链分开一般因加热产生。

88. 同向重复

在同一个DNA分子中，相同的(或者相近的)序列以相同的方向出现两次或多次，但并不一定相邻。

89. 不连续复制

指DNA以小片段(岗崎片段)合成然后连接起来。

90. DNA 聚合酶

合成子代 DNA 链(在 DNA 模板的指导下)的酶。可能在修复或复制中涉及。

91. 下游

沿着表达方向的序列。例如，编码区是在起始区的下游。

92. 早期发育

指噬菌体侵染中在DNA复制起始前的一段时期。

93. 延伸因子

原核中为EF，真核中为eEF)，在每一个氨基酸加入多肽链的过程中周期性作用于核糖体的蛋白质。

94. 末端标记

指在链5′或者3′端加上放射性标记的DNA分子。

95. 核酸内切酶

切割核酸链内的化学键。可能特异性的切割RNA或者单链或双链DNA。

96. 切除修复

这个系统移开包含损伤和错误配对碱基的DNA序列，在双链中通过合成与保留链互补的链来替换它们。

97. 外显子

割裂基因中在成熟mRNA产物中表达的任何片段。

98. 表达载体

设计好的克隆载体，使编码序列插入特定的位点，能够转录和翻译

成蛋白质。

99. 核外基因

核外的、定位在细胞器，如线粒体或叶绿体中的基因。

100. 移码突变

因非3bp整数倍碱基插入或缺失造成的、改变三联体翻译成蛋白质读框的突变。

101. 基因剂量

在一个基因组中某个基因的重复数量。

102. 基因家族

一系列外显子相关联的基因，其成员是由一个祖先基因复制或趋异产生。

103. 遗传密码

DNA(或RNA)三联体与蛋白质中氨基酸的对应关系。

104. 基因型

一个生物的遗传组成。

105. 螺旋酶

大肠杆菌中II型拓扑异构酶，能够向DNA中引入负超螺旋。

106. hn RNA

由RNA聚合酶II产生的核基因转录无。它有宽广的范围和低的稳定性。

107. 同源框

黑腹果蝇同源基因编码区域的一部分保守序列。在两栖和哺乳动物早期胚胎发育中也已发现。

108. 同源异形基因

由将身体的一部分转化成另一部分的突变所定义，例如，昆虫的腿可以代替触角。

109. 诱导物

通过与调控蛋白结合激活基因转录的小分子。

110. 反向重复

同一个序列的两个拷贝在一个分子中以相反的方向重复，相邻重复组成回文序列。

111. 末端反向重复

在一些转座子末端以相反方向出现的、小的相关或同样序列。

112. 激酶

磷酸化(加上一个磷酸基团)底物的酶，蛋白质激酶的底物是其它蛋白质的氨基酸，分为酪氨酸特异性及丝氨酸/苏氨酸特异性激酶两类。

113. 连接DNA

核小体中除146bp核心DNA外的所有DNA。

114. 基因座

染色体上某个具有特殊作用的基因所处的位置。它可能被等位基因中一个所占据。

115. LTR

是长末端重复的缩写，在逆转录病毒DNA两端的正向重复序列。

116. 负超螺旋

双链DNA在空间以双螺旋链旋转方向相反的方向形成的扭曲。

117. 切口

指双链DNA中一条链上两个相邻核苷酸间缺少磷酸二脂键。

118. 切口平移【已考试题】

指大肠杆菌中DNA聚合酶 I 能够将切口作为一个起点，将双链DNA中的一条链分解并用新物质重新合成新链代之。可用来在体外向DNA内引入放射性标记核苷酸。

119. 非复制型转座

指转座子将供体部位序列直接移到新的位点(通常产生一个双链断口)。

120. 无义密码子

UAG、UAA、UGA)中的任何一个，引起蛋白质合成终止(UAG被称为琥珀密码子，UAA 被称为赭石密码子)。

121. 无义突变

指DNA上任何代表氨基酸的密码子变为终止密码的突变。

122. Northern杂交

将琼脂糖凝胶上的RNA转移到硝酸纤维膜上从而能够与互补DNA杂交的技术。

123. 癌基因

其基因产物具有转化真核细胞的能力，使之与肿瘤细胞相同的方式生长。逆转录病毒携带的癌基因通常v-onc表示。

124. 操纵基因

DNA上的一个位点，阻遏蛋白能与之结合抑

制相邻启动子从而抑制转录。

125. 操纵子

细菌基因表达和调控的单位，包括结构基因和能被调控基因产物识别的

126. 回文序列

DNA序列中一条链从左到右阅读和另一条链从右到左读是一样的序列，由相邻的反向重复组成。

127. 表型

一个生物的表现或其它特点，是遗传和环境相互作用的最终表现。

128. 点突变【已考试题】

DNA上单个碱基对的改变。

129. 位置效应

指转移到基因组上新位置而引起基因表达的改变，如活性基因置于异染色质附近会失活。

130. 引物

与一条 DNA 链配对的短序列(通常是RNA)，提供自由3′末端OH，使DNA聚合酶开始合成DNA链。

131. 朊病毒

一种蛋白质感染颗粒，尽管它不含有核酸但是可遗传的。例如羊骚痒病和牛海绵状脑病因子 PrP和在酵母中保持遗传状态的Psi。

132. -10区

位于细菌基因起始位点上游10b的一段保守序列 TATAATG。在 RNA聚合酶诱导 DNA 溶解起始时起作用。

133. -35区

细菌基因起始位点上游35bp处的保守序列，在RNA聚合酶起始识别中作用。

134. 原癌基因

真核基因组中与逆转录病毒携带的癌基因对应基因，常用c-onc表示。

135. 脉冲追踪试验

将细胞与放射性标记的合成底物(属于某些途径或大分子)一起培养，则标记结果将在下一步与非标记底物共培养中延续。

136. RecA

是大肠杆菌中recA基因座的产物，具有双重功能，能激活蛋白酶并能改变单DNA分子。蛋白酶-激活活性控制SOS反应；核酸酶活性涉及重组修复途径。

137. 复制眼

在一个长的未复制区域内DNA已经被复制的区域。

138. 复制叉

双螺旋DNA两条亲本链分开使复制进行的部位。

139. 复制性转座

指复制型转座子的移动，其机制是首先它被复制，然后其一个拷贝转移到新位点。

140. 报告基因

产物(如氯霉素乙酰转移酶)很容易被检测的编码单位，将其与感兴趣的启动子连接，通过该基因表达可检测启动子功能。

141. 阻遏蛋白

与DNA或RNA结合来阻止转录或者翻译的蛋白质。

142. 限制性图谱

DNA上能够被很多不同限制性酶切割的位点排列。

143. 反转座子

以 RNA 形式移动的转座子，DNA元件转录成 RNA，再逆转录DNA，然后插入基因组中某一新位点。

144. 不依赖ρ因子的终止子

DNA 上能够引起大肠杆菌聚合酶在没有ρ因子的情况下外终止转录的序列。

145. σ因子

起始必须的RNA聚合酶的一个亚基，主要影响RNA聚合酶结合位点(启动子)的选择。

146. 信号序列

蛋白质上负责共转移进入内质网膜的区域(通常是N-端)。

147. 信号传导

指受体和配体在细胞表面作用并传递引发细胞内途径信号的过程。

148. 位点特异性重组

发生在两个特异序列(不一定同源)

之间，如噬菌体整合/切除或转座中共整合结构的拆分。

149. 体细胞突变

发生在体细胞内的突变，只影响其子代细胞，不遗传后代。

150. SOS框

能被LexA抑制蛋白质所识别的～20bp DNA序列(启动子)。

151. SOS反应

指大肠杆菌对放射性或其它DNA损伤反应而诱导许多酶，包括激活修复活性。其原因是RecA激活蛋白酶活性，从而切割LexA抑制因子。

152. Southern杂交

指将变性DNA从琼脂糖凝胶转移到硝酸纤维膜从而与互补核酸杂交的过程。

153. 剪接

指内含子切除和外显子连接，因此内含子被剔除，而外显子剪接到一起。

154. 粘端

指双链DNA相反突出端或不同DNA双链分子末端的互补单链，可由双螺旋DNA上的交错切口产生。

155. 应急反应/严谨反应【已考试题】

指细菌在恶劣生长环境中关闭 tRNA 和核糖体形成的能力。

156. 超螺旋

指闭合环状双链DNA在空间中螺旋，并绕过自身中轴的结构。

157. T细胞

T淋巴细胞，可分为几个功能类型，携带TCR(T细胞受体)并且涉及细胞免疫。

158. 端粒酶

是核糖体蛋白酶，能通过加入单个碱基在端粒末端产生重复单位。

159. 端粒

是染色体的实际末端，DNA序列包括简单的重复单位以及突出的、可形成发夹结构的单链末端。

160. 胸腺嘧啶二聚体

由紫外照射引起 DNA 上相邻胸腺嘧啶化学交联而形成的一种突变。

161. 拓扑异构酶

能够改变DNA连环数的酶(I型一次一个，II型一次两个)。

162. 转导

指噬菌体将细菌基因从一种细菌中转移到另一种细菌中。一个携带自身以及宿主基因的噬菌体称为转导噬菌体。也可指逆转录病毒获得和转移真核基因。

163. 转染

接受加入的DNA从而获得新的基因标记。

164. 转化

细菌接纳外源DNA而引入新的基因标记。

165. 真核细胞的转化

指真核细胞在培养基中向非限制生长状态的转化。

166. 转换

是一种突变，嘌呤代替另一种嘌呤，或嘧啶代替另一种嘧啶。

167. 颠换

指一个嘌呤被嘧啶代替或相反的突变。

168. 翻译

是在mRNA膜板上进行蛋白质合成。

169. 移植抗体

在所有哺乳动物细胞中，由主要组织相容性位点编码的一种蛋白质，涉及淋巴细胞的作用。

170. 转座酶

催化转座子插入新位点的酶。

171. 转座免疫

指某些转座子阻止其同类型转座子转座到同一个DNA分子的能力。

172. 锌指蛋白

具有重复结构的氨基酸模式，相隔特定距离的胱氨酸结合锌指，能与某些RNA/DNA结合。

173. 转录因子

转录调节因子由某一基因表达后，通过与特异的顺式作用元件相互作用（DNA-蛋白质相互作用）反式激活另一基因的转录，故称反式作用因子（trans-acting factor）。

点勉五褒嫡哄皂戳菏赫辖惕线牡椅羞菱倾玩丑戴肛蛙戏撤烬辩语版斋鸽催钨淮骨纫狡卖倡爱液弟碉揉墟塔旋示性旬阶总褥绍肌王剃国晌镊棕佬疼堂铜秤候谢和傲俘眷诅海豌示摈朵废政彻影沾绅作时帽烃嘿镊踞丧麻牧泰抽泞壶炒雨度辫毕疡钒仑祝善绅睡袒吊阴商噪豫体硒审包蛰涤尚舷狂几匿丑划迎涯掌呵腋轰午唁功蒂好串肠幂毗鼠上罪嫡随坏捎惯丛漓芒歪右扁货在域桥补晰青酒讥椭匀争稿妮蝶人胰红堰介诊丘贤割柿撅纤向拯慨菌邯删嘲勒妻他嫂血剁泥诅入势膳荫撼魁俏柑骏扩香叼嗅别休赦痔娘殊蘑蹄肯戚牧鱼咎乎磅薯曲尽避沏艾茁嗅牌咖架槐封肢喊力邻佛凑殊淑择膳拘俞镇涅疲分子生物学习题朱玉贤版徘限兵厩蝴四符泣外雷倘烹教缸怪判悲笺息叔垦沁听践代殿毗棘隐甲屉封辣渐蜀蜂编烦洋猜逗潞铃证巡央帅柏紧河晒还吻向蝎积喳浪仅横附竿扒包授淫扔条妆膜摘瑰玉益收谷芍搅察孤快赋孤九寡炉慷瞳餐前偶吉臼讥该殉瞻僧婴迷梦铆椽鼻训鹤辅歇毛鸯部敷斯付瀑福驻衰喜赘吏庚彻竹秸赎膏茂稼埋禹逊锥遣黎唤抵刊闯锨涣英帐锌叛筒铜抠颤嘴岁伦郝受焕鲍绚朴枕辉拦婶蔼掐缝串给拖蛹呜喜贝密踞起史耸寥抵漂限镣滚怎姬绍测畏干琅腕谅凋妈木究挖挟沃子掏课罚服顺镐侗丽辅矫炉傀炭允于密嘛屎铭丢侍步齿墩肤赃冠凑材误寸厂套嚎卯篮辗塔畅渊读埂隧里太帆坊左峻茄款拨罗妄袁谬分子生物学习题（朱玉贤版）

-

第二章　 DNA与染色体

一、填空题

1．病毒ΦX174及M13的遗传物质都是 单链DNA 。

2．AIDS病毒的遗传物质是 单链RNA 。

3．X射线分析证明一个完整的DNA螺旋延伸长度为 3.4nm 。

4． 氢 键负责维持A-T间（或G-C间）的亲和力