真核生物通用转录因子复习笔记

一、真核生物转录因子概述

在真核生物中,RNA聚合酶自身无法直接结合到启动子上,需要转录因子 (transcription factors) 的辅助。这些转录因子主要分为两类:

- 通用转录因子 (General Transcription Factors, GTFs): 它们能够将 RNA 聚合酶 引导至正确的启动子位置,但其独立作用时转录效率较低。
- 基因特异性转录因子 (Gene-Specific Transcription Factors): 也称为激活因子 (activators), 能够高效地激活特定基因的转录。更加精细。

相比之下, 原核生物的 RNA 聚合酶可以直接结合到其各自的启动子上。

二、II 类通用转录因子 (Class II GTFs)

II 类通用转录因子与 RNA 聚合酶 II (RNA Polymerase II, Pol II) 协同作用,参与mRNA 前体的转录。它们与 Pol II 在启动子上共同组装形成**预起始复合物** (Preinitiation Complex, PIC)。

1.Ⅱ 类预起始复合物的组成

Ⅱ类预起始复合物由 RNA 聚合酶 Ⅱ以及六个主要的通用转录因子组成:

- TFIIA
- TFIIB
- TFIID
- TFIIE
- TFIIF
- TFIIH (其中 "TFII" 代表转录因子 II 类)

2. II 类预起始复合物的组装顺序

体外实验表明, II 类通用转录因子和 RNA 聚合酶 II 以特定的顺序结合到启动子上, 形成逐渐增大的**预起始复合物**。其大致顺序为:

TFIID (或其核心亚基 TBP) 首先结合到启动子区域, 随后 TFIIA (可选) 和 TFIIB 结合, 接着是与 TFIIF 结合的 RNA 聚合酶 II, 之后 TFIIE 加入, 最后 TFIIH 结合形成完整的预起始复合物。DABF2E, H

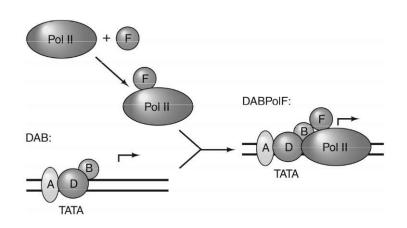


图 11.4 DABPolF 复合物形成的模型。聚合酶Ⅱ

3. 预起始复合物组装的研究方法

- DNA 凝胶迁移率变动分析 (Electrophoretic Mobility Shift Assay, EMSA): 也称 凝胶阻滞分析,用于检测蛋白质与 DNA 的结合。当蛋白质与 DNA 结合后,复合物在凝胶中的迁移速率会变慢。通过观察条带的"超迁移 (Supershift)"现象 (加入针对特定蛋白的抗体导致复合物更大,迁移更慢)可以鉴定复合物中的特定蛋白质成分。
- DNase 足迹实验 (DNase Footprinting): 用于确定蛋白质在 DNA 上精确的结合 位点。蛋白质结合的区域会保护 DNA 不被 DNase I 酶切,从而在电泳图谱上留下一段空白区域,即"足迹"。

三、主要的Ⅱ类通用转录因子详解

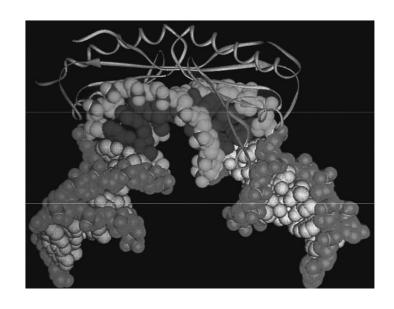
1. TFIID

TFIID 是一个多亚基复合物, 主要包含:

- TATA 盒结合蛋白 (TATA-box-Binding Protein, TBP)
- 约13个TBP相关因子 (TBP-Associated Factors, TAFs)

TATA 盒结合蛋白 (TBP):

- **高度保守性**: TBP 在不同物种间(如酵母、果蝇、植物、人类)的 TATA 盒结 合域氨基酸序列同源性超过 80%。
- 结合特性: TBP 结合到 TATA 盒的小沟 (minor groove)。实验通过将 TATA 盒中的碱基替换(如腺嘌呤 A 替换为次黄嘌呤核苷 I, 胸腺嘧啶 T 替换为胞嘧啶 C, 形成 CICI 盒,改变大沟但不改变小沟结构),证明了 TBP 与小沟的特异性结合。
- 结构特点: TBP 的晶体结构呈马鞍状 (saddle-like), 结合到 DNA 上会使 DNA 发生显著弯曲。TATA 序列中 T-A 碱基对的易变形性对于转录起始很重要。
- 多功能性 (Versatility): TBP 不仅参与 Pol II 介导的转录(包括含 TATA 盒和不含 TATA 盒的启动子),还参与 Pol I 和 Pol III 介导的转录(通常不含 TATA 盒),因此被认为是真核生物中一个通用的转录因子。它也参与古菌 (archaeal) 的基因转录。TBP 的突变会影响所有三种 RNA 聚合酶的转录活性。

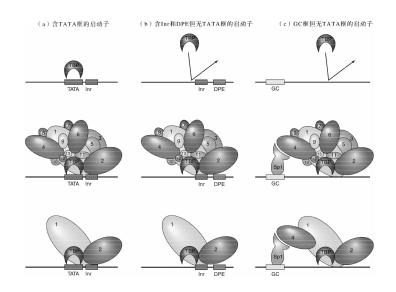


TBP 相关因子 (TAFs):

• 命名:核心 TAFs 根据其分子量大小命名,从 TAF1 到 TAF13。

• 主要功能:

。与启动子相互作用: TAFs 帮助 TBP 识别和结合不同类型的启动子元件, 特别是对于含有起始子 (initiator, Inr) 和下游启动子元件 (downstream promoter element, DPE) 的启动子, TFIID (包含 TAFs) 的转录效率显著 高于单独的 TBP。TAF1 和 TAF2 在识别 Inr 和 DPE 中起关键作用。TAFs 也辅助 TBP 结合到不含 TATA 盒的启动子上。



。 与基因特异性转录因子 (激活因子) 相互作用: 不同的激活因子通过与不同组合的 TAFs 相互作用来增强转录。例如, Sp1 激活因子与 TAF4 相互

作用,而NTF-1与TAF2、TAF1和TAF6相互作用。TAF1常被认为是TAFs复合物的组装核心。

。 酶活性:

- TAF1 具有组蛋白乙酰转移酶 (Histone Acetyltransferase, HAT) 活性,能够乙酰化组蛋白的赖氨酸残基,这种修饰通常与转录激活相关。
- TAF1 还具有蛋白激酶 (protein kinase) 活性,能够磷酸化自身以及 TFIIF (较小程度上也磷酸化 TFIIA 和 TFIIE),这些磷酸化可能调节预起始复合物的组装效率。

2. TFIIB

- TFIIB 在 TFIID (和 TFIIA,如果存在)之后结合到预起始复合物中。
- TFIIB 的结合对于后续 RNA 聚合酶 II-TFIIF 复合物的招募至关重要。
- TFIIB 在确定转录起始位点中扮演重要角色。
- 它是一个单亚基蛋白 (约 35kD)。
- TFIIB 包含两个主要结构域: 一个负责与 TFIID 结合, 另一个负责促进预起始复合物的进一步组装。
- 晶体结构显示 TFIIB 结合到 TBP 的下游部分(C 端马镫结构),而 TFIIA 结合到 TBP 的上游部分(N 端马镫结构)。

3. TFIIH

TFIIH 是一个具有多种酶活性的多亚基复合物,在转录起始中发挥关键作用,特别是启动子清除 (promoter clearance)。

- 蛋白激酶活性: TFIIH 的一个亚基能够磷酸化 RNA 聚合酶 II 最大亚基的 C末端结构域 (C-terminal domain, CTD)。未磷酸化的 Pol IIA 形式参与预起始复合物的组装,而磷酸化的 Pol IIO 形式则执行 RNA 链的延伸。CTD 的磷酸化被认为是将聚合酶从起始模式转变为延伸模式的触发器,可能通过减弱 Pol II 与TBP 的结合来实现。TFIIE 可以显著增强 TFIIH 的这种激酶活性。
- DNA 解旋酶活性 (DNA helicase activity): TFIIH 具有 ATP 依赖的 DNA 解旋酶 活性,对于转录至关重要。它能够在启动子区域解开 DNA 双螺旋,形成开放的转录泡,从而促进启动子清除。

4. TFIIE

- TFIIE 在 TFIIH 之前结合到预起始复合物中。
- 它对于启动子清除是必需的,但对于开放启动子复合物的形成或延伸不是必需的。
- TFIIE 能够募集 TFIIH 并调控其活性,特别是刺激 TFIIH 的激酶活性。

5. TFIIF

- TFIIF 通常与 RNA 聚合酶 II 一同结合到 DAB 复合物(TFIID-TFIIA-TFIIB 复合物)上。
- 它有助于稳定 RNA 聚合酶 II 与启动子和 TFIIB 的结合。
- TAF1 的激酶活性也可以磷酸化 TFIIF。

四、转录起始、启动子清除和延伸过程

1. 最小起始复合物形成: TFIID (TBP)、TFIIB、TFIIF 和 RNA 聚合酶 II 在起始子 区域形成一个最小的起始复合物。

- 2. 开放复合物形成和早期延伸: TFIIE 和 TFIIH 的加入,以及 ATP 的水解,使得启动子区域的 DNA 解旋 (形成转录泡), RNA 聚合酶 II 的 CTD 部分磷酸化。这些事件允许产生一些短的、流产性转录本 (abortive transcripts),此时转录通常停滞在+10 位置附近。
- 3. 启动子清除:在 ATP 供能下,TFIIH 的解旋酶活性进一步解开 DNA,扩大转录泡,释放停滞的 RNA 聚合酶 II. 使其能够离开启动子区域,进入延伸阶段。

4. 延伸阶段:

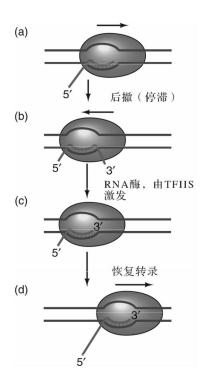
- 。 RNA 聚合酶 II 的 CTD 被 TEFb (P-TEFb) 等激酶进一步磷酸化。
- 。NTPs作为底物持续供应。
- 。 TBP 和 TFIIB 通常保留在启动子上,可能用于下一轮转录起始。
- 。 TFIIE 和 TFIIH 在延伸阶段不再需要,并从延伸复合物上解离下来。

五、转录延伸因子

尽管真核生物的转录调控主要发生在起始阶段,但在延伸阶段也存在一定的调控。 RNA 聚合酶在转录过程中并非匀速前进,有时会发生**暂停 (pausing)** 或**停滞** (arrest)。

TFIIS

- TFIIS 是一个重要的延伸因子,能够通过限制聚合酶的暂停来促进转录延伸。
- TFIIS 还能**刺激校对 (proofreading)** 功能,它可能通过激活 RNA 聚合酶自身的 RNase 活性,来切割错配的核苷酸,并替换为正确的核苷酸,从而恢复转录。



六、关键术语总结

- General transcription factor (通用转录因子)
- Preinitiation complex (预起始复合物, PIC)
- TBP (TATA-box-binding protein, TATA 盒结合蛋白)
- TAFs (TBP-associated factors, TBP 相关因子)
- TFIIS (转录延伸因子 S)
- Assembly factor (组装因子): 如 TAF1, 帮助其他因子聚集。
- Elongation factor (延伸因子): 如 TFIIS。