

## 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）的亲合力
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. 有丝分裂后期彼此分开
- 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  $4^{100}$  种可能的序列组合形式。（正确）
7.  $C_0t_{1/2}$  与基因组大小相关。（正确）
8.  $C_0t_{1/2}$  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  $C_0t_{1/2}$  值？

答：

$C_0t_{1/2}$  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  $2.5 \times 10^9 \text{Da}$ ，核苷酸的平均分子质量是  $330 \text{Da}$ ，两个邻近核苷酸对之间的距离是  $0.34 \text{nm}$ ，双螺旋每一转的高度（即螺距）是  $3.4 \text{nm}$ ，请问：

(1) 该分子有多长？

答：1 碱基= $330 \text{Da}$ ，1 碱基对= $660 \text{Da}$

碱基对= $2.5 \times 10^9 / 660 = 3.8 \times 10^6 \text{ kb}$

染色体 DNA 的长度= $3.8 \times 10^6 / 0.34 = 1.3 \times 10^6 \text{ nm} = 1.3 \text{ mm}$

(2) 该 DNA 有多少转？

答：转数= $3.8 \times 10^6 \times 0.34 / 3.4 = 3.8 \times 10^5$

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  $C_0t_{1/2}$  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 tRNA<sup>fmet</sup>  
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. 水螅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. 大多数管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另一位置发现。(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*<sup>-</sup> 小菌落突变株的线粒体 DNA 发生了什么变化？

答：

*rho*<sup>-</sup> 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：

在哺乳动物中，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  $\alpha$ ；②  $\beta$ ；③  $\gamma$ ；④  $\delta$ ；⑤  $\epsilon$ ；
- 15 有真核 DNA 聚合酶  $\delta$  和  $\epsilon$  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，因为有较强的基因组
- 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.  $\sigma$  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 超螺旋结构松弛的酶是 ( 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 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，但是在有丝分裂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，Pol α 的一个拷贝(为了起始)和 Pol δ 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. 请列举可以在线性染色体的末端建立线性复制的三种方式。

答：

- (1) 染色体末端的短重复序列使端粒酶引发非精确复制。
- (2) 末端蛋白与模板链的 5'端共价结合提供核苷酸游离的 3'端
- (3) 通过滚环复制，DNA 双链环化后被切开，产生延伸的 3'-OH 端

3. 为什么一些细菌完成分裂的时间比细菌基因组的复制所需的时间要少？为什么在选择营养条件下，E.coli 中可以存在多叉的染色体或多达 4 个以上的开环染色体拷贝，而正常情况下染色体是单拷贝的？

答：

单拷贝复制由细胞中复制起点的浓度控制的。

在适宜的培养条件下，细胞呈快速生长，稀释起始阻遏物的浓度，使复制连续进行。

4. 在 DNA 聚合酶 III 催化新链合成以前发生了什么反应？

答：

DnaA（与每 9 个碱基重复结合，然后使 13 个碱基解链）、DnaB(解旋酶)和 DnaC（先于聚合酶 III 与原核复制起点相互作用。后随链复制需要引发体完成的多重复制起始，引发体由 DnaG 引发酶与多种蛋白质因子组成。

5. DNA 复制起始过程如何受 DNA 甲基化状态影响？

答：

亲本 DNA 通常发生种属特异的甲基化。在复制之后，两模板-复制体双链 DNA 是半甲基化的。半甲基化 DNA 对膜受体比对 DnaA 有更高的亲和力，半甲基化 DNA 不能复制，从而防止了成熟前复制。

6. 请指出在 oriC 或  $\Phi X$  型起点起始的 DNA 复制之间存在的重要差异。

答：

oriC 起点起始的 DNA 复制引发体只含有 DnaG。

$\Phi X$  型起点起始的 DNA 复制需要额外的蛋白质—Pri 蛋白的参与。Pri 蛋白在引物合成位点装配引发体。

7. 大肠杆菌被 T2 噬菌体感染, 当它的 DNA 复制开始后提取噬菌体的 DNA, 发现一些 RNA 与 DNA 紧紧结合在一起, 为什么?

答:

该 DNA 为双链并且正在进行复制。RNA 片段是后随链复制的短的 RNA 引物。

8. DNA 连接酶对于 DNA 的复制是很重要的, 但 RNA 的合成一般却不需要连接酶。解释这个现象的原因。

答:

DNA 复制时, 后随链的合成需要连接酶将一个冈崎片段的 5'端与另一冈崎片段的 3'端连接起来。而 RNA 合成时, 是从转录起点开始原 5'→3'一直合成的, 因此不需 DNA 连接酶。

9. 曾经认为 DNA 的复制是全保留复制, 每个双螺旋分子都作为新的子代双螺旋分子的模板。如果真是这样, 在 Meselson 和 Stahl 的实验中他们将得到什么结果?

答:

复制一代后, 一半为重链, 一半为轻链; 复制两代后, 1/4 为重链, 3/4 为轻链。

10. 描述 Matthew 和 Franklin 所做的证明 DNA 半保留复制的实验。

答:

- (1) 将大肠杆菌在  $^{15}\text{N}$  培养基中培养多代, 得到的 DNA 两条链都被标记, 形成重链。
- (2) 细胞移到  $^{14}\text{N}$  培养基中培养, 提取 DNA;
- (3) 将 DNA 进行氯化铯密度梯度离心,;
- (4) 经过一定时间后, DNA 在离心管聚集成带, 每个带的密度均与该点的氯化铯溶液的密度相同;
- (5) 照相决定每条带的位置和所含的 DNA 量。
  - 1) 经  $^{15}\text{N}$  培养基, 所有 DNA 都聚集在一条重密度带;
  - 2) 经  $^{14}\text{N}$  培养基一代后, 所有的 DNA 形成一条中间密度带;
  - 3) 经  $^{14}\text{N}$  继续培养基一代, DNA 一半是中间密度带, 另一半是轻密度带;
  - 4) 最后, 他们证明第一代的分子是双链, 且为半保留复制。

11. 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。

12. 描述滚环复制过程及其特征。

答: 仅是特定环状 DNA 分子的复制方式。

## (1) 复制过程:

- 1) 环状双链 DNA 的+链被内切酶切开;
- 2) 以-链为模板, DNA 聚合酶以+链的 3'端作为引物合成新的+链, 原来的+链 DNA 分子的 5'端与-链分离;
- 3) +链的 3'端继续延长;
- 4) 引发酶以离开的+链为模板合成 RNA 引物, DNA 聚合酶以+链为模板合成新的-链;
- 5) 通常滚环复制的产物是一多聚物, 其中大量单位基因组头尾相连。

## (2) 复制过程的特征:

- 1) 复制是单方向不对称的;
- 2) 产物是单链 DNA, 但可通过互补链的合成转变为双链;
- 3) 子代 DNA 分子可能是共价连接的连环分子;
- 4) 连环分子随后被切成与单个基因组相对应的片段。

## 第 5 章 DNA 重组

### 一、填空题

1. 自然情况下, 在同一基因两个稍微不同拷贝(等位基因)间发生重组的过程中, 一个等位基因经过 基因转变 过程会被另一等位基因代替。
2. 通过 位点专一的 基因重组, 游动 DNA 序列和一些病毒可进入或离开一条目的染色体。
3. 一般性重组(同源重组) 中, 基因交换发生的同源 DNA 序列间, 最常见是发生在同一染色体的两个拷贝。
4. 在交换区域, 一个 DNA 分子的一条链与另一个 DNA 分子的一条链相互配对, 在两个双螺旋间形成一个 异源双链连接。
5. 同过 DNA 复性, 两个单链的互补 DNA 分子一起形成一个完全双链螺旋, 人们认为这个反应从一个慢的 螺旋成核作用 步骤开始。
6. 大肠杆菌的染色体配对需要 RecA 蛋白, 它与单链 DNA 结合并使同源双链 DNA 与之配对。
7. 一般性重组(同源重组)的主要中间体是 交叉链互换, 也用它的发现者名字命名为 Holliday 连接。
8. 重组通常从 DNA 缺口 处开始。
9. 负责把 RNA 转录成互补 DNA 分子的 反转录 酶可以解释由 反转录病毒 引起的永久性基因转变。

10. 利用自己的位点专一重组酶把自己从寄主基因组中的一个地方移到另一地方的遗传元件叫转座元件，也叫作转座子。
11. 酵母的 Ty1 元件是一种反转录转座子，它的转座需一段完整 RNA 转录物的合成，这个转录物又被复制成一个双螺旋 DNA，随后被整合到一个新的染色体位置。
12. F 质粒的 IS 元件使 F 质粒与大肠杆菌染色体之间发生同源重组，产生一个Hfr 细菌。
13. 转座元件是指能移动到基因组其他位的 DNA 序列。转座元件在以下方面影响基因组：能够引起基因的重排，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。
14. 最简单的转座元件是 IS 元件。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同向重复序列。
15. 复合转座元件由两个 IS 元件与夹在中间的抗生素抗性基因组成。有些转座元件的移动是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。复制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。而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。

## 二、选择题（单选或多选）

1. 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. 减少一个基因簇的基因数，同时增加另一个基因簇的基因数
2. 细菌基因组中几乎平均分配重组敏感热点，这些热点在大肠杆菌中称为 *chi*，它们（**C、D**）。
- A. 是双链经常断裂的部位，可诱导重组  
B. 是单链经常断裂的部位，导致单链同化作用  
C. 是 RecBCD 复合物作用的位点，在这些位点，受双链断裂激活的 RecBCD 复合物切开一个自由 3' -OH 端  
D. 是顺式作用元件，在该元件内可以产生一个单链的自由 3' -OH 端  
E. 是 RecA 蛋白结合的 DNA 位点，RecA 蛋白从该点沿着 DNA 移动直到断裂点
3. 以下（**E**）与维持细菌遗传信息的精确性无关。

- A. 冗余  
B. 复制酶  
C. 复制的精确机制  
D. DNA 聚合酶的校对机制  
E. 限制性内切核酸酶
4. ( C ) 在产生遗传多样性的过程中非常重要。  
A. 翻译    B. 转录    C. 重组    D. 转化    E. 以上都不是
5. 重组发生在减数分裂的 ( C ) 期。  
A. 后    B. 间    C. 前    D. 中    E. 以上都不是
6. 重组包括来自 ( A ) 之间的断裂与重新结合。  
A. 同源的非姐妹染色单体    B. 同源的姐妹染色单体  
C. 非同源的非姐妹染色单体    D. 非同源的姐妹染色单体  
E. 以上都不是
7. IS 元件 ( B、D )。  
A. 全是相同的    B. 具有转座酶基因  
C. 是旁侧重复序列    D. 引起宿主 DNA 整合复制  
E. 每代每个元件转座  $10^3$  次
8. 组成转座子的旁侧 IS 元件可以 ( A、B、C )。  
A. 同向    B. 反向  
C. 两个都有功能    D. 两个都没有功能
9. 复制转座 ( A、C、D )。  
A. 复制转座子, 即在原位点上留有一个拷贝  
B. 移动元件转到一个新的位点, 在原位点上不留元件    C. 要求有转座酶  
D. 要求有解离酶    E. 涉及保守的复制, 在这个过程中转座子序列不发生改变
10. 非复制转座 ( B、C、E )。  
A. 复制转座子, 即在原位点上留有一个拷贝  
B. 移动元件到一个新的位点, 在原位点上不留元件  
C. 要求有转座酶    D. 要求有解离酶  
E. 涉及保守的复制, 在这个过程中转座子序列不发生改变
11. 一个转座子的准确切离 ( B )。  
A. 切除转座子和两个靶序列    B. 恢复靶 DNA 到它插入前的序列



- A. U3      B. U4      C. R      D. U5
20. 反转录病毒的整合酶 ( B、C )。
- A. 是一种位点特异性内切核酸酶      B. 在 LTR 上起外切核酸酶的作用  
C. 在靶 DNA 上产生交互切口
21.  $\delta$  元件 ( A、B )。
- A. 是具有活性的启动子      B. 当 Ty 转座时可留在基因组 DNA 后面
22. Copia 元件 ( C )。
- A. 在果蝇基因组中约有 20 000 个拷贝      B. 串联排列  
C. 两侧为定向重复      D. 不被转录  
E. 与反转录病毒的 *env* 基因有同源性
23. L1 元件 ( A、B、D、E、F )。
- A. 是病毒反转录转座子超家族的成员  
B. 每个哺乳动物基因组中有 20 000-50 000 个拷贝  
C. 大约长 300bp      D. 包括一个可读框，产物与反转录酶有同源性  
E. 被转录      F. 有 LTR
23. Alu 因子 ( C、E )。
- A. 是病毒反转录转座子超家族的成员  
B. 每个哺乳动物基因组中有 20 000-50 000 个拷贝  
C. 大约长 300bp      D. 包括一个与反转录酶基因有同源的可读框  
E. 被转录      F. 有 LTR
24. 下面哪些关于 Alu 序列的描述是正确的？ ( B、E )
- A. 所有 Alu 序列都是相同的      B. Alu 序列来源于有翻译功能的 7SL RNA  
C. Alu 序列是靠 RNA 聚合酶 II 转录的      D. Alu 序列永远不会存在于结构基因中  
E. 这些序列有一个区段与病毒的 DNA 复制起点同源
25. 转座子引起的突变可类似于缺失突变的效果：基因的功能完全丧失。现有一青霉素抗性的突变菌株，经过 Tn5 侵染后，失去了青霉素抗性，试解释原因？ ( C )
- A. 转座子改变了细菌的代谢过程      B. 转座子影响了细菌细胞壁的合成过程  
C. 转座子插入编码  $\beta$ -内酰胺酶的基因内部，使之失活  
D. 转座子使细菌通过其他机制抵御青霉素作用      E. 无法解释
26. 噬菌体 Mu 是一个转座子，长度为 44kb，含有转座酶基因，两端有反向重复序列。通过在细菌基因组内基因间的“跳跃”形式进行复制，每“跳跃”一次就产生一个突变。将 Mu 导入大肠杆菌

菌，获得一个 *lac*<sup>-</sup> 突变子，怎样确定该突变是由 Mu 引起的？（ D ）

- A. 克隆该基因，测序，寻找其中是否含 Mu 序列
- B. 克隆该基因到质粒载体上，并转化其他细菌观察是否出现突变子
- C. 构建一个基因文库，并以 Mu 序列及 *lac*DNA 为探针，筛选文库，看两种探针是否与同一 DNA 片段杂交
- D. 以上方法都适用

### 三、判断题

1.  $\lambda$  噬菌体整合到大肠杆菌基因组上是由一个位点专一的拓扑异构酶（ $\lambda$  整合酶）催化的，它可以识别在两条染色体上短的特异 DNA 序列。（正确）
2. 所有已知的基因转变都需要一定量的 DNA 合成。（正确）
3. 一般性重组需要交换的双方都有一长段同源 DNA 序列，而位点专一重组仅需要短而专一的核苷酸序列，某些情况下，只需要交换双方中的一方具有序列即可。（正确）
4. 一般性重组包括 DNA 片段的物理交换，该过程涉及 DNA 骨架上磷酸二酯键的断裂和重新形成。（正确）
5. RecA 蛋白同时具有位点专一的单链切割的活性和将单链从双螺旋 DNA 分子上解离的解旋酶的功能，后一功能依赖于 ATP 活性。（错误）
6. 大肠杆菌的单链结合蛋白通过与糖-磷酸骨架结合并使碱基暴露，从而解开单链上的短发夹结构。（正确）
7. RecA 蛋白同时与单链、双链 DNA 结合，因此它能催化它们之间的联会。（正确）
8. 交叉链互换包括交叉链和未交叉链，至少其中一条链的磷酸骨架断裂才可能使这个过程逆转。（错误）（可通过旋转相互转变）
9. 基因转变是真菌类偶然改变性别的方式。正常情况下，一次接合产生等量的雄性与雌性孢子，但偶尔也会出现 1:3 或 3:1 的比例。（错误）（基因转变于性别无关）
10. 反转录病毒侵染常常同时导致子代病毒的非致死释放和被侵染细胞内致癌的永久性基因改变。（正确）
11. 转座酶可以识别整合区周围足够多的序列，这样，转座子不整合到基因的中间，因为破坏基因对细胞是致死的。（错误）
12. 转座要求供体和受体位点之间有同源性。（正确）
13. TnA 家庭的转座子通常转移三种基因：转座酶、解离酶和氨苄抗性基因。（正确）
14. Tn10 是高水平表达转座酶。（错误）

15. IS 元件是一种能够给宿主菌“带来”新表型的质粒。(错误)

#### 四、简答题

1. Holliday 重组模型经过修正，现成为同源重组模型。简述该模型的五个特点。

答：

- (1) 同源配对的链发生断裂，经过部分交换并重新结合；
- (2) 断裂及修复产生交互的产物；
- (3) 重组可发生在 DNA 的任何位置；
- (4) 交换过程是精确的，没有核苷酸的添加于丢失；
- (5) 基因的转变可造成两个不同等位基因的不等量。

2. 为什么基因内互补只发生在：①某一基因座的等位基因间；②这些基因座的特殊等位基因对间？

答：

- (1) 只有当活性蛋白质是两个相同多肽亚基的二聚体时，才发生基因内互补；
- (2) 只有当两个突变的多肽链以精确互补的方式发生改变时，两个变化的亚基才能二聚化形成有活性的蛋白质。

3. 反转录病毒与反转录转座子有什么不同？

答：

反转录转座子是指通过 RNA 实现转座的遗传元件。反转录病毒是由一系列反转录转座子构成含 RNA 基因组的侵染颗粒。

4. gag 和 pol 基因的蛋白质产物是怎样生成的？mRNA 编码的 Env 蛋白是怎样生成的？

答：

反转录病毒的所有结构蛋白均是由单个初级转录物翻译合成的，其中第一个合成的蛋白质为 Gag 蛋白。为了合成 Pol 蛋白，gag 基因的终止密码子必需被抑制或核糖体移动读码框。这样 Pol 蛋白只是以 Gag-Pol 融合蛋白的状态存在，最后由病毒蛋白酶剪切。Env 蛋白是通过 mRNA 可变剪接合成的。

5. 蛋白酶为什么对反转录病毒生活史很重要？

答：

翻译 Gag 蛋白、Pol 蛋白、Env 蛋白之后，病毒蛋白酶分别将切割成 2-3 个有活性的蛋白质片段。

6. 噬菌体整合到宿主基因组后，4-6 个宿主 DNA 的核苷酸被复制，这是为什么？这与转座子插入新位点有何相似之处？另外，2 个核苷酸从 5'端 U<sub>3</sub>'的 5'和 3' 端 U<sub>3</sub>'的 3'被切除，这意味着遗传信息从反转录病毒中丢失吗？

答：

因为反转录病毒整合酶在整合位点切开一个交错切口，造成靶位点重复。插入后，填补切口产生同向重复序列。

病毒基因组每侧 2 个核苷酸的缺失并不会导致基因组另一端序列的其他拷贝的缺失。

7. 反转录病毒怎样获得像 *onc* 基因这样的细胞基因？获得此类基因会对反转录病毒基因产生影响吗？一个反转录病毒怎样才会丢失如 *pol* 和 *env* 这样的重要的基因而复制？

答：

当整合的原病毒和邻近细胞基因之间出现缺失，反转录病毒可获得细胞基因；

原病毒启动子起始的转录产生一融合 mRNA，剪接后被包装进病毒颗粒。

当病毒获得宿主 DNA 时可丢失诸如 *pol* 和 *env* 等病毒基因，但这样的病毒自身进行复制，必须依赖于野生型病毒的辅助。

8. 描述酵母 Ty 元件的结构。它与反转录病毒有何相似之处？为什么它不形成感染粒子？

答：

Ty 元件的每一端均有一个同向重复序列（ $\delta$  元件）。Ty 元件有两个可读框，与反转录病毒的 *gag* 和 *pol* 基因具同源性。第二个可读框的翻译需要核糖体的移码，正如反转录病毒的 *pol* 基因。Ty 元件缺少基因。

9. 你如何证明 Ty 元件在转座时经历了一个 RNA 中间体？

答：

构建一个含内含子与  $\delta$  元件的人工 Ty 元件。采用诱导型 GAL 启动子合成大量的 Ty 元件的 mRNA，从而使这一元件整合到基因组新位点的转座频率增加。检测新插入的 Ty 元件。若具有  $\delta$  元件但缺少内含子，则通过 RNA 的中间体。

10. FB 元件与 *copia* 因子有何不同？

答：

FB 元件两端为反向重复序列，而 *copia* 两端为同向重复序列。

11. 列出病毒和非病毒超家族反转录转座子之间的 4 种差异。

答：

病毒超家族反转录转座子具长末端重复序列 LRT、编码反转录酶或整合酶的可读框和内含子，非病毒反转录转座子不含有这些序列；

病毒反转录转座子的整合会在靶位点产生一段 4-6 个核苷酸的重复，而非病毒反转座子则产生 7-21 个个核苷酸的重复。

12. 为什么说 Alu 元件可能作为 DNA 复制的起点？有什么理由不支持这种假说呢？

答：

Alu 元件含有 14 个核苷酸，与一些病毒的 DNA 复制起点相近；

Alu 元件在基因组的数量超过了估计的复制起点的 10 倍。

13. 描述两种转座子引起基因组重排的方式。

答：

转座子转座时能够导致基因序列的缺失、重复或插入；

转座子通过宿主重组系统导致基因重排。

14. IS 元件整合到靶位点时会发生什么？

答：

转座子插入前产生交错缺口，插入后填补导致靶位点序列重复。

15. 一个复合转座子和一个 IS 元件之间的关系是什么？

答：

复合转座子在两个末端有 IS 序列。

16. 列出一个转座子插入到一个新位点所要求的步骤。

答：

(1) 在靶位点产生缺口；

(2) 切除转座子；

(3) 转座子与靶位点连接；

(4) 填补插入位点两端的单链区。

17. 当①DNA 在两个同向重复之间②DNA 在两个反向重复之间发生重组的效应各是什么？

答：

(1) 同向重复之间发生重组会导致重复序列间的序列缺失；

(2) 反向重复间的重组会使重复序列间的序列倒位。

18. 在什么过程中会形成一个共整合体？它的结构是什么？

答：

在复制转座中会形成一个共整合中间体，其中含有两个方向相同的转座子拷贝，并由原复制子隔开。

19. Tn10 元件只有在自己的转座酶基因具有活性时发生转座（与利用基因组中 Tn10 元件表达的转座酶的情况正好相反），这种偏爱的原因是什么？

答：

转座酶一旦合成就立即与 DNA 结合，以免扩散到基因组的其它组件中。有假说认为转座的半

衰期很短，若与 DNA 结合则较为稳定。

20. 什么是杂种不育？是怎样引起的？

答：

杂种不育是出现在果蝇特定品系杂交后代中的一系列染色体畸形。是由一个亲本染色体中 P 元件活性引起。如果母本不具 P 元件，产生的卵细胞缺失 P 元件编码的转座阻遏蛋白，则会激化 P 元件。

21. 为什么 F 质粒整合细菌基因组中，会产生不同的 Hfr 细菌？

答：

F 质粒通过 IS 序列与基因组中的 IS 位置进行同源重组，由于细菌中有多个不同的 IS 序列，产生不同的 Hfr 细菌。

22. 区别 F<sup>-</sup>、F<sup>+</sup>、Hfr、F' 几个不同的概念。

答：

F<sup>-</sup> 不含 F 质粒；F<sup>+</sup> 含 F 质粒；Hfr 含有整合型的 F 质粒；F' 细胞中的 F 质粒携带有部分细菌基因组的成分。

## 第 6 章 突变与修复

### 第十二章 突变

#### 一、填空题

1. 产生单个碱基变化的突变叫作点突变，如果碱基的改变产生一个并不改变氨基酸残基编码的密码子，并且不会造成什么影响，这就是同义突变。如果改变了氨基酸残基的密码，这就是错义突变。这种突变对蛋白质功能影响程度要根据被改变的氨基酸残基在蛋白质二级或三级结构中的重要程度，或是与酶的活性位点的密切性来决定，活性变化范围可从零到接近正常。
2. 一种由于蛋白质序列中丢失了半胱氨酸残基引起的突变将会阻止二硫桥的形成，这种蛋白质更容易变性。如果在较低温度是稳定的而在较高温度是不稳定的，

将它称为 温度敏感 突变, 是 条件致死 突变的一个例子。

3. 无义突变是将一种氨基酸的 密码子 转变成 终止 密码子, 结果使蛋白质链 变短。  
一个碱基的插入或 缺失 叫 译码 突变。由于三联 可读框 的移动, 突变位置 下游 的整个氨基酸序列都会被改变。上述两种类型的突变(插入和缺失)所产生的蛋白质同 野生型 不同, 通常是完全 失活。
4. 下面各句是对不同诱变剂作用的叙述, 写出相应情况的诱变剂的名称:
  - (1) 通过同双螺旋的结合, 引起变构, 并激活修复性内切核酸酶的诱变剂是 吡啶类染料。
  - (2) 引起总染色体的损伤如断裂和转位的诱变剂是  $\alpha$ 、 $\beta$  或  $\gamma$  射线。
  - (3) 取代正常的碱基而掺入到 DNA 中, 并通过互变异构引起复制错误的诱变剂是 5-溴尿嘧啶, 2-氨基嘌呤。
  - (4) 只能够除去胞嘧啶和甲基胞嘧啶的氨基基团的诱变剂是 羟胺。
  - (5) 主要是引起同一条链上的相邻嘧啶间的交联的诱变剂是 紫外线。
  - (6) 主要是在 DNA 双螺旋的形变和链的错排过程中引起插入或缺失的诱变剂是 吡啶类染料。
  - (7) 可以除去 DNA 中任何一个带有氨基基团的碱基上氨基基团的诱变剂是 亚硝酸。
5. 据估计, 单倍体人基因组包括 30000 个基因, 如果每个世代每个基因的突变率为  $5 \times 10^{-5}$ , 那么, 每个个体中存在  $2 \times 30\,000 \times 5 \times 10^{-5} = 3$  个 刚产生的突变。
6. DNA 中两种常见的自发突变是由于腺嘌呤、鸟嘌呤与脱氧核糖间的 N-糖基连接断裂而导致的 脱嘌呤作用 和使胞嘧啶变为尿嘧啶而导致的 脱氨基作用。
7. 在大肠杆菌中发现了 3 种 DNA 聚合酶。DNA 修复时需要 DNA 聚合酶 III。
8. 在 DNA 修复过程中, 需要第二种酶, DNA 连接酶, 作用是将 DNA 中相邻的碱基 连接 起来。原核生物 DNA 聚合酶具有外切核酸酶的活性。有两种外切核酸酶的活性, 它们分别从  $5' \rightarrow 3'$  和  $3' \rightarrow 5'$  降解 DNA。DNA 聚合酶 II 只有  $3' \rightarrow 5'$  外切核酸酶活性。
9. DNA 大多数自发变化都会通过称之为 DNA 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。
10. DNA 修复包括三个步骤: DNA 修复核酸酶 对 DNA 链上不正常碱基的识别与切除, DNA 聚合酶 对已切除区域的重新合成, DNA 连接酶 对剩下切口的修补。
11. 一种主要的 DNA 修复途径称 碱基切除修复, 包括一系列 DNA 糖基化 酶, 它们都能识别并切去 DNA 上不正常碱基。
12. 核苷酸切除修复 途径可以切去任何造成 DNA 双螺旋大片段改变的 DNA 损伤。
13. 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 反应 的信号, 即允

许跨过障碍进行复制，给细胞一个生存的机会。

14. 下面所列的是由突变而产生的一些异常表型 I，同时也列出了表型由突变而造成的缺陷的可能原因 II。请尽可能地将 I 项所列的异常表型同 II 项所列的可能原因配对。

- | I 异常表型:        | II 缺陷可能出现在: |
|----------------|-------------|
| A. 细菌的营养缺陷型    | a. 合成途径     |
| B. 细菌温度敏感突变体   | b. 降解途径     |
| C. 细菌的诱导酶变成组成酶 | c. DNA 的修复  |
| D. 果蝇的红眼变成白眼   | d. 转录控制     |
| E. 果蝇形成两个胸节    | e. 细胞分裂控制   |
| F. 人的镰状细胞贫血症   | f. 胚胎发育控制   |
| G. 人的原卟啉症      | g. 蛋白质的稳定性  |
| H. 人着色性干皮病     |             |
| I. 苯丙酮尿症       |             |
| J. 人肿瘤的发生      |             |

## 二、选择题（单选或多选）

- 理论上自发突变是随机发生的，并均匀分布于基因组中，然而，精细分析表明，DNA 中的某些位点较其他位点更易发生突变。这些“热点”突变是由于（ B ）。
  - DNA 的空间结构选择性地使部分 DNA 暴露在诱变因子的作用
  - 存在可被进一步修饰（如脱氨基）的已修饰碱基（如甲基化），导致碱基转换并通过复制产生突变
  - 被修饰（如甲基化）碱基的存在，易于发生错配复制并因此产生突变
  - DNA 中富含 A-T 区域的存在，使得自发解链及错配碱基的掺入
  - 对沉默突变的选择压力很低，因此热点多为密码子第三位的碱基
- 置换位点突变（ C ）。
  - 并不改变编码蛋白质的序列
  - 比沉默位点突变更为经常
  - 与沉默位点突变的发生率相同
- 一种突变细菌从群落形态学（即表型）不能与其野生型相区别，这一突变可能是（ E ）。
  - 编码蛋白质的氨基酸序列发生改变
  - 编码蛋白质的氨基酸序列发生改变
  - 编码蛋白质的氨基酸序列发生改变
  - 编码蛋白质的氨基酸序列发生改变
  - 编码蛋白质的氨基酸序列发生改变

- A. 一个点突变  
B. 一个无义突变或错义突变  
C. 密码子第三个碱基的替换  
D. A 和 B  
E. A 和 C
4. 通过突变分析最终将“基因”确定为遗传单位后，就必须从分子水平评价基因的功能。这一问题的成功解决是由于发现了（ C ）。
- A. 显性等位基因上的突变使其表型类似隐性基因  
B. 突变基因不能编码产生存在于野生型个体中的蛋白质  
C. 突变基因的蛋白质产物与野生型基因的产物有差别  
D. 营养缺陷型细菌只有经过致突变剂处理后才能在本培养基上生长  
E. 具突变表型的配子与野生型配子所形成的杂合子常表现为野生型表型
5. 假设为了鉴别一个特定的基因，已经成功得到了一种可选择的细菌突变株。可是为了更具说服力，必须证明观察到的突变表型就是该基因突变导致的，可采取的方法是（ E ）。
- A. 用致突变剂处理细菌，并且分离一个回复野生型表型的突变体  
B. 用携带突变基因的质粒转化突变株后不能回复为野生型，即不能得到反式互补  
C. 用携带突变基因的质粒转化野生型菌株后，不能产生突变表型，即不能得到反式互补  
D. 用携带突变基因的质粒转化突变菌株后可以产生野生型表型，即可以反式互补  
E. 用携带突变基因的质粒转化突变菌株后可回复野生型表型，即可以反式互补
6. 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
7. 一段野生型序列 5' -AGCCTAC-3'，如发生碱基颠换的可能结果是（ D ）。
- A. 5' -AGTCTAC-3'  
B. 5' -AGCCGCCGCCGCCTAC-3'  
C. 5' -AGCCCAC-3'  
D. 5' -ATCCTAC-3'  
E. 5' -AGCCTGC-3'
8. 哪一类型的突变最不可逆？（ A ）
- A. 缺失  
B. 转换  
C. 颠换  
D. 插入  
E. 以上突变不可逆的程度相当
9. Luria-Delbruck 波动实验说明（ D ）。

- A. 细菌具有天然的噬菌体抗性
- B. 所有细菌群体都具有低水平的噬菌体抗性
- C. 细菌在接触噬菌体之后会产生对噬菌体的抗性
- D. 细菌由于随机的自发突变产生噬菌体抗性
- E. 噬菌体突变子可形成边缘清晰的大型噬菌斑

10. 引起遗传性色素干皮病的原因是 ( A )。

- A. 不能校正紫外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. 不能校正转换突变
- E. X 染色体断裂

11. 不等交换造成 ( E )。

- A. 非同源染色体之间的交换
- B. 遗传物质的丢失
- C. 紫外线诱导损伤的修复
- D. 含有 Y 染色体卵子的形成
- E. 缺失以及重复

12. 引起精神紊乱症状的 X 染色体脆性遗传病，其致病原因是 ( E )。

- A. 体内产生可裂解磷酸骨架的酶
- B. 紫外线辐射
- C. X 射线
- D. 配子中有一条多余的 X 染色体
- E. 染色体上一段三碱基序列发生多次重复

13. 通过埃姆斯测试法，检测一种甜味剂的致突变性。结果如下：

样品	回复 His <sup>+</sup> 的克隆数/个
蒸馏水	2
蒸馏水+鼠肝酶	3
甜味剂	6
甜味剂+鼠肝酶	65

从以上结果可得出什么结论？ ( C )

- A. 该甜味剂不具有诱变性
- B. 鼠肝酶是强诱变剂
- C. 该甜味剂不是诱变剂，但可能代谢转化为强诱变剂
- D. 该甜味剂是诱变性，并可转化为强诱变剂
- E. 该甜味剂及其转化产物具有相等的诱变性

14. 研究某种花卉的花色基因，有三种等位基因：深蓝、白色、天蓝，同配子的植株的花色即为等位基因所决定的花色。而异配子植株中，存在不完全显性及中间色的情况。则这三种等位基因将

产生多少种可能的花色表型 ( **D** )

A. 9      B. 2      C. 4      **D. 6**      E. 8

15. 假设某基因中, 一个等位基因发生了负显性突变, 该基因编码的蛋白质在细胞内以三聚体形式存在。如果一个亚基的突变可导致整个蛋白质的失活, 那么一个杂配子个体中, 多少比例的三聚体蛋白质是无活性的? ( **E** )

A. 100%    B. 25%    C. 50%    **D. 6.25%**    **E. 12.5%**

16. 关于 DNA 的修复, 下列描述中哪些是**不正确的**? ( **B、C** )

- 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. 双链的断裂可以被 DNA 聚合酶 II 修复**      D. DNA 的修复过程中需要 DNA 连接酶  
E. 细菌可以用一种核酸内切酶来除去受损伤的碱基  
F. 糖苷酶可以切除 DNA 中单个损伤的碱基

17. DNA 最普遍的修饰是甲基化, 在原核生物中这种修饰的作用有 ( **A、B、D** )。

- A. 识别受损的 DNA 以便干修复**  
**B. 复制之后区分链, 以确定是否继续复制**  
C. 识别甲基化的外来 DNA 并重组到基因组中  
**D. 保护它自身的 DNA 免受核酸内切酶限制**  
E. 识别转录起始位点以便 RNA 聚合酶能够正确结合

18. 单个碱基改变是 DNA 损伤的一种形式, 它们 ( **B、D** )。

- A. 影响转录但不影响复制, 在此过程一个 ATG 起始密码可能被修改  
**B. 影响 DNA 序列但不影响 DNA 的整个结构**  
C. 将继续引起结构变化但不影响复制循环  
**D. 可能由错配复制或酶的 DNA 修饰 (如脱氨基) 所引起**  
E. 可以由 UV 照射 (如嘧啶二聚体) 或加成化合物形成 (如烷基化) 所引起

19. 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. UrvABC 系统识别并靠 DNase I 促使正确核苷酸的引入而使错配被修复
- 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
- E. 错配修复是靠正常情况下被 LexA 蛋白抑制的修复功能完成的 (SOS 反应)
20. 发生在有丝分裂进程中的、由 DNA 缺口起始的重组不可能由以下哪些原因引起? ( A )
- A. 正常的细胞周期指令                      B. X 射线
- C. 化学损伤                                      D. 物理损伤
- E. 辐射因素
21. 细菌的错配修复机制可以识别复制时新旧 DNA 链之间错误配对的碱基, 这是因为 ( C )。
- A. 新 DNA 链含有错误的碱基
- B. 旧 DNA 链更倾向于含有错误碱基
- C. 旧 DNA 链在特殊位点含有甲基化基团
- D. 新 DNA 链在特殊位点含有甲基化基团
- E. DNA 聚合酶与新链结合

### 三、判断题

1. 当两个 DNA 的突变片段相互间不能反式互补, 则可以推测这两个突变影响了同一种功能。这样的两个突变和每个不能反式互补的突变分为同一个互补群, 并被认为是一个独立遗传单位的一部分。这个遗传单位可能是一个顺反子, 或者如果突变稳定地干扰了转录过程, 这可能是一个多顺反子转录单位。(正确)
2. 编码区以外的突变不会导致细胞或生物体表型改变。(错误)
3. 若一个二倍体酵母细胞中发生了一个错义突变, 而这一突变将另外一个不同的氨基酸引入了一个分解代谢酶的催化位点, 从而使得这种酶可以利用另的底物。这就是所谓的获得性突变。(正确)
4. 酵母中的一种突变体使得二倍体细胞中一种单体蛋白质的合成完成丧失, 这种突变是一种奢侈基因的突变。(错误) (可能是编码反式作用因子的基因突变)
5. 根据不同物种同一蛋白质中氨基酸的不同来估计突变率往往较实际的突变率低, 因为一些突变体由于危及蛋白质功能, 在选择压力下从种群中消失。(正确)

6. DNA 修复机制有很多种，但所有这些机制都依赖于二倍体染色体上两套遗传信息的存在。(错误)  
(修复依赖于 DNA 双螺旋中的两套遗传信息)
7. 自发的脱嘌呤作用和由尿嘧啶 DNA 糖基化酶切去一个已脱碱基的胞嘧啶都会产生可被无嘌呤嘧啶内切核酸酶作为底物识别的同样的中间产物。(正确)
8. DNA 修复的第一步是由专用于修复过程的酶催化的，下面的步骤由 DNA 代谢过程中的常用酶催化。(正确)
9. 大肠杆菌的 SOS 反应的最主要作用是通过在原始 DNA 损伤区附近导入补偿突变来提高细胞存活率。(错误)
10. DNA 中四个常用碱基自发脱氨基的产物都能被识别出来。(正确)
11. 在细菌细胞中，短片段修复是由损伤诱导的。相反，长片段修复是组成型的，且往往涉及长约 1500-9000bp 损伤 DNA 片段的替换。(错误)
12. 真核生物中 DNA 的修复没有原核生物重要，这是因为体细胞的二倍体特征。(正确)

#### 四、简答题

1. 有很多突变对于野生型基因是隐性的，也就是说，在一个含有突变型和野生型基因二倍体细胞中，野生型的特性能够得到表达。请根据对突变过程的认识解释这一事实。对于说明为什么有些突变是显性的，有何见解？

答：

野生型对应一个活性蛋白，突变型对应一个失活蛋白，因此正常情况下，野生型是显性。突变型是显性的原因：1) 突变导致某种酶的过量产生；2) 突变改变了酶的专一性，但仍然有高的活性。

2. 为了选择下面两种突变型，应对只含有葡萄糖、硫酸铵以及无机离子的基本培养基做何调整？

(1) *leu<sup>-</sup>*，亮氨酸营养缺陷型。

(2) *gal<sup>-</sup>*，不能以半乳糖作为惟一碳源的突变型。

答：

(1) 在培养基中加入亮氨酸，然后分离在添加亮氨酸的培养基上生长而在不添加亮氨酸的培养基上不生长的菌落；

(2) 在培养基中加入半乳糖不加葡萄糖，然后分离在基本培养基上生长而加半乳糖不加葡萄糖的培养基上生长不生长的菌落。

3. 指出突变频率和突变率的区别。

答：

突变频率是指在一细胞群体或个体群体中发生突变个概率；

突变率是测定一个特定时期内所发生特定突变的可能性。

4. 在工业微生物菌种的选育中，人们喜欢用诱变的方法筛选解除了酶合成阻抑的突变株，而不要解除了酶活性反馈抑制的突变株。请解释原因。

答：防止酶合成的阻遏，可诱导调控序列的突变，而不改变酶的密码子；

防止酶活性的反馈抑制，涉及酶本身的改变，这种改变会使终产物不能与酶结合，有些同时会影响酶的活性。

5. 为什么一个基因座的正向突变发生的频率要比回复突变高？

答：

正向突变是基因内随机发生的核苷酸序列变化的结果；回复突变是准确恢复野生型的核苷酸序列，必须涉及基因内一个特殊位点的点突变。

6. 一个基因间阻阿物突变怎样阻抑了一个错义突变？

答：

错义突变的基因间抑制是 tRNA 反密码子的改变，所以在错义密码子的相应位置插入一个不致死突变的氨基酸。

7. 为什么吡啶类染料诱导的突变较碱基类似物诱导的突变对生物体影响更大？

答：

吡啶类引起的突变主要是产生无义密码子，使翻译提前终止。碱基类似物诱导碱基取代式突变，很多是同义突变，或生物影响不大的错义突变。

8. 羟胺对游离噬菌体和转化 DNA 都是高度特异的致变剂。它只与 DNA 中的 C 反应，使之转变成偶尔可与 A 错配的形式。

(1) 羟胺诱导的碱基替代是什么？

(2) 推测羟胺是否可回复自身诱导的突变？

(3) 羟胺可以回复 5-溴尿嘧啶诱导的突变吗？

(4) 5-溴尿嘧啶可以回复羟胺诱导的突变吗？

答： (1) GC→AT

(2) 否

(3) 有一些（只有 AT→GC 转变引起的突变）

(4) 全部

9. 在下列哪些基因中你可以分离到温度敏感突变和琥珀突变？①*lacO*；②*lacZ*；③*lacP*；④*lacI*。

答：

只有当琥珀突变在翻译过程中起作用时才产生温度敏感的，这些突变也只是在编码蛋白质

的结构基因中才存在。②和④

10. 区别反向突变、回复突变和第二位点回复突变。

答:

回复突变可以恢复野生型基因中核苷酸的精确序列。

反向突变是能够恢复或部分恢复野生型表现型的任何突变。

基因内第二位点的反向突变属于突变基因内的第二突变，它能够恢复野生型表型，但不能恢复原来的核苷酸序列。

11. 假如发生了碱基对错配产生什么表型，它们怎样被修复？

答:

由于 DNA 聚合酶具有校正功能，可以识别错配碱基，并通过聚合酶的外切酶活性将其切除，再填补正确的碱基。只要 DNA 是半甲基化的，DNA 聚合酶就可以行使识别和修复功能。

12. 为什么 DNA 的甲基化状态可以被复制的调节和 DNA 的修复所利用？

答:

复制后的 DNA 是半甲基化的，半甲基化 DNA 对膜受体比对 DnaA 有更高的亲和力，半甲基化 DNA 不能复制，从而防止了成熟前复制。

在 DNA 聚合酶 I 修复合成的 DNA 中同样具有这一特点，在特定位点没有甲基化，就可以将亲本与复制链区分开。

13. 错配修复的方向可以怎样被调节（突变型到野生型或野生型到突变型）？

答:

DNA 错配修复中的 *mut* 系统识别甲基化的 DNA，另外，通过更为精细的酶系统将错配的碱基进行替换，比如，G-T 替换成 G-C 或 A-T。

14. RecA 蛋白是怎样调节 SOS 反应的？

答:

RecA 蛋白识别损伤 DNA 的单链区，与单链 DNA 结合后，RecA 的蛋白活性被激活，将 LexA 切割成没有阻遏和与 DNA 操纵区结合的两个区，导致 SOS 反应（包括 RecA）的高效表达。当修复完成，RecA 蛋白又回到非水解蛋白的形式，LexA 蛋白逐渐积累，并重新建立阻遏作用。

15. 实验结果表明，所研究细菌的一个操纵子具有三个相似拷贝，它编码一个关键酶的亚基。由于没有检测到第三个碱基简并性（摇摆性）现象，由此说明接近的相同性（99%）是由于 DNA 修饰作用的结果。请问这涉及哪些可能的机制？

16. 为什么错配修复可导致基因转变？

答:

因为修复可以通过两种方式进行，一是对错误的链进行校正。二是依照错误的链对正确的链进行改造。

## 第7章 转录

### 一、填空题

1. RNA 是由核糖核苷酸通过 磷酸二酯 键连接而成的一种 多聚体。几乎所有的 RNA 都是由 模板 DNA 转录 而来，因此，序列和其中一条链 DNA 互补。
2. 原核生物只有 一 种 RNA 聚合酶而真核生物有三种，每一种都有某特定的功能。聚合酶 I 合成 rRNA，聚合酶 II 合成 mRNA，聚合酶 III 合成 tRNA 和 5S RNA。三种聚合酶都是具有多亚基的大的蛋白 复合体。有些亚基是各种聚合酶共有的，有些只是某种聚合酶才有。最大的亚基与 原核生物 的 RNA 聚合酶合同源。
3. RNA 聚合酶 III 启动子的特点是它们通常位于基因内部。已经发现了两种类型的聚合酶 III 内部启动子。第一种类型通常发现于 5S RNA 基因中，它包含两个称为 A 盒和 C 盒的保守序列。转录因子 TFIIIA 结合于 C 盒上并能吸引 TFIIIC 因子。  
另一种类型的聚合酶 III 启动子是上游启动子，它发现于一些编码 核内小 RNA 的基因上。这些启动子可能具有 PSE, OCT 元件和 TATA 框。因为 TATA 框已经足以起始转录，所以当有其他元件存在，转录的效率就提高了。
4. RNA 聚合酶 II 的启动子也包含若干序列元件，只是它们比聚合酶 I 和聚合酶 III 的启动子更加复杂多样。首先，在转录起始位点附近发现一个松散保守的 Inr 序列（即 iniation region）。很多聚合酶 II 的启动子在起始位点上游约 25 个核苷酸处具有一个 TATA 框。这种元件的共有序列是 TATATAAAA，除了位置不同外，它与原核生物的 -10 元件很相似。它是第一个识别聚合酶 II 的因子 TFIID 的结合位点。
5. 一些基因具有称为 增强子 的附加元件，它们远离基本启动子。具有高浓度的 转录因子 结合位点，它们位于启动子的 上游 或 下游，甚至可以位于 相反 的方向上。它们在相关 DNA 形成大 环 时与基本启动子相互作用。它们惟一的作用是增加启动子处转录因子的 浓度。
6. 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。
7. 在真核细胞 mRNA 的修饰中，“帽子”结构由 N-7-甲基鸟嘌呤 组成，“尾”由 多聚腺嘌呤 组成。
8. 真核生物的 mRNA 加工过程中，5' 端加上 帽子结构，在 3' 端加上 多聚腺苷尾，后者由 polv(A) 聚合酶 催化。如果被转录基因产不连续的，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。这个过程涉及许多 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成 snRNP。并进一步地组成 40S 或 60S 的结构，叫作 剪接体。
9. RNA 分子的 可变 剪接可针对多种抗原产生不同的抗体分子。

10. 内含子之间以共同序列为界：5' 剪接位点的 GU 和 3' 剪接位点的 AG。另外，在内含子 3' 端附近的一个疏松共有序列中发现了一个称为 旁侧序列 的必需 酰苷酸。
11. 多数类型的 RNA 是由加工 前体分子 产生的，真核生物前体 tRNA 的 加工 包括 内含子 的切除和 外显子 的拼接。随着 5' 端和 3' 端的序列切除，3' 端加上了序列 CCA，在四膜虫中前 tRNA 内含子 的切除和 外显子 的拼接是通过 自动催化 机制。
12. RNase P 是一种 内切核酸酶，含有 RNA 作为它的活性部位，这种酶在 tRNA 序列的 5' 端切割 前体 RNA。
13. 写出两种合成后不被切割或拼接的 RNA：真核生物的 5S rRNA 和 原核生物的 mRNA。
14. 与 mRNA 分子互补的一段单链核苷酸叫作 反义 RNA 序列。
15. 原核细胞和真核细胞 mRNA 的半衰期分别为 15min 和 4-24h。两种 mRNA 均有 5' 端非翻译区和 3' 端非翻译区。由于原核细胞为 多顺反子，所以原核 mRNA 有附加非翻译区，这些顺反子间序列含有核糖体结合区 Shine-Dalgarno 序列，该序列位于每一个 顺反子（即编码区，简称 ORF）翻译起始密码子上游。

## 二、选择题（单选或多选）

1. 标出以下所有正确的表述。（ C ）
- A. 转录是以半保留方式获得序列相同的两条 DNA 链的过程
- B. 依赖 DNA 的 DNA 聚合酶是多亚基酶，它负责 DNA 的转录
- C. 细菌的转录物（mRNA）是多基因的
- D.  $\sigma$  因子指导真核生物 hnRNA 的转录后加工，最后形成 mRNA
- E. 促旋酶在模板链产生缺口，决定转录的起始和终止
2.  $\sigma$  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. 弥补启动子与共有序列部分偏差的反式作用因子的存在
- D. 转录单位的长度      E. 翻译起始密码子的距离
3. 下面哪一项是对三元转录复合物的正确描述？（ C ）
- A.  $\sigma$  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. 三个全酶的转录起始位点（*tsp*）形成的复合物      E.  $\sigma$  因子、核心酶和促旋酶形成的复合物
4.  $\sigma$  因子和 DNA 之间相互作用的最佳描述是（ C ）。

- A. 游离和与 DNA 结合的  $\sigma$  因子的数量是一样的, 而且  $\sigma$  因子合成得越多, 转录起始的机会越大
- B.  $\sigma$  因子通常与 DNA 结合, 且沿着 DNA 搜寻, 直到在启动子碰到核酶。它与 DNA 的结合不需依靠核心酶
- C.  $\sigma$  因子通常与 DNA 结合, 且沿着 DNA 搜寻, 它识别启动子共有序列且与全酶结合
- D.  $\sigma$  因子是 DNA 依赖的 RNA 聚合酶的固有组分, 它识别启动子共有序列且与全酶结合
- E.  $\sigma$  因子加入三元复合物而启动 RNA 合成
5. DNA 依赖的 RNA 聚合酶的通读可以靠 ( C )。
- A.  $\rho$  因子蛋白与核心酶的结合
- B. 抗终止蛋白与一个内在的  $\rho$  因子终止位点结合, 因而封闭了终止信号
- C. 抗终止蛋白以它的作用位点与核心酶结合, 因而改变其构象, 使终止信号不能被核心酶识别
- D. NusA 蛋白与核心酶的结合      E. 聚合酶跨越抗终止子蛋白——终止子复合物
6.  $\sigma$  因子专一性表现在 ( B )。
- A.  $\sigma$  因子修饰酶 (SME) 催化  $\sigma$  因子变构, 使其成为可识别应激启动子的  $\sigma$  因子
- B. 不同基因编码识别不同启动子的  $\sigma$  因子
- C. 不同细菌产生可以互换的  $\sigma$  因子
- D.  $\sigma$  因子参与起始依靠特定的核心酶
- E.  $\sigma$  因子是一种非专一性蛋白, 作为所有 RNA 聚合酶的辅助因子起作用
7. 下列哪些转录因子含有 TBP? ( C、D、E )
- A. TFIIB    B. TFIIA    C. SL1    D. TFIID    E. TFIIB    F. UBF1
8. 下列哪些转录因子是装配因子? ( D )
- A. SP1                      B. TFIIB                      C. TFIID                      D. 以上都不是
9. 以下关于 TBP 的陈述哪些是正确的? ( A、C、D )
- A. TBP 诱导 DNA 发生弯曲                      B. TBP 结合于 DNA 双螺旋的大沟
- C. TBP 通过与不同的蛋白质结合来识别不同的启动子
- D. TBP 与聚合酶 I、聚合酶 II 和聚合酶 III 的共同亚基作用
10. TATA 框存在于 ( B、F )。
- A. 聚合酶 II 识别的所有启动子中                      B. 聚合酶 II 识别的大部分启动子中
- C. 聚合酶 II 识别的极少数启动子中                      D. 聚合酶 III 识别的所有启动子中
- E. 聚合酶 III 识别的大部分启动子中                      F. 聚合酶 III 识别的极少数启动子中
11. RNA 聚合酶 II 的 C 端结构域 (CTD) 的磷酸化与 ( B、D、E ) 相关。

- A. 与起始前复合体的结合      B. TFIIF 的激酶活性  
C. TFIID 中特 TAF 蛋白的存在      D. 从起始聚合酶到延伸聚合酶的转换  
E. 起始因子 TFIIA、TFIIB 及 TFIID 的释放
12. 下列哪个(些)情况能解释为什么一些基因在它们的转录因子存在时并不总是处于活性状态?  
( E )
- A. 转录因子结合位点的邻近序列      B. 有其他蛋白质的结合  
C. 转录因子结合位点的染色质结构状态      D. 缺少共激活蛋白  
E. 以上都是
13. 剪接小体是 ( B、C )。
- A. 由多种 snRNP 组成的结构      B. 大小为 40S-60S  
C. 一种在拼接中起作用的结构      D. 以上都不正确
14. 可变剪接能增加转录产物, 这些转录产物间的区别在于 ( )。
- A. mRNA 的 5' 非转录区      B. mRNA 的编码区  
C. mRNA 的 3' 非转录区      D. ABC 全是  
E. ABC 全不是
15. 哪些有关剪接位点的叙述是正确的? ( C、E )
- A. 剪接位点含有长的保守序列      B. 5' 与 3' 剪接位点是互补的  
C. 几乎所有的剪接位点都遵从 GT-AG 规律      D. 剪接位点被保留在成熟的 mRNA 中  
E. 内含子 3' 与 5' 剪接位点间的距离可以很大  
F. 一个内含子的 5'剪接位点只能与同一个内含子的 3'剪接位点作用, 杂合内含子不能被剪接
16. 分支位点核苷酸 ( A、C、E )。
- A. 总是 A      B. 的位置在内含子内是随机的  
C. 位于一个非严格保守的序列内      D. 通过与 3' 剪接位点作用起始剪接的第一步  
E. 在剪接的第一步完成后与内含子中另外三个核苷酸共价连接
17. 转酯反应 ( D )。
- A. 不需要 ATP      B. 拆开一个化学键后又形成另一个化学键  
C. 涉及对糖磷骨架 OH 基团的亲核攻击      D. 以上都正确
18. 选出所有有关 snRNA 的正确叙述。( E )

- A. snRNA 只位于细胞核中                      B. 大多数 snRNA 是高丰度的
- C. snRNA 在进化的过程中是高度保守的
- D. 某些 snRNA 可以与内含子中的保守序列进行碱基配对
- E. 以上都正确
19. 参与前 mRNA 剪接的 snRNP ( A、B、C )。
- A. 与一组 Sm 蛋白结合
- B. 含有独特的蛋白 (即不存在任何其他 snRNP 的蛋白)
- C. 其 RNA 和蛋白质都是其作用不可缺少的
- D. 主要通过蛋白质组分与前 mRNA 结合                      E. 以上都正确
20. 剪接小体的组装 ( A、B、D )。
- A. 按有序的途径一步步完成
- B. 涉及 snRNP 与水溶性蛋白 (即不是任何 snRNP 组分的蛋白)
- C. 不需要 ATP
- D. 伴随着多次 snRNP 的重组                      E. 以上都正确
21. SR 蛋白 ( A、C、D、E )。
- A. 家庭中的成员都具有一个或多个精氨酸和丝氨酸丰富区
- B. 分别与特异的 RNA 序列结合
- C. 形成一个蛋白质桥连接 U2AF 和 U1 snRNP
- D. 与 3' 外显子的剪接增强序列结合, 促进 3' 弱剪接位点的作用
- E. 帮助识别外显子
- F. 以上都正确
22. II 组剪接与前 mRNA 剪接的相似之处是 ( A、B、C )。
- A. 两种内含子具有相似的剪接位点
- B. 它们都通过同样的机制进行剪接, 其中涉及套索中间体
- C. 都由 RNA 催化进行
- D. 都需要 U1 snRNP
- E. 都可以在没有蛋白质的情况下进行
- F. 两种内含子都形成精细的二级结构
23. 可变剪接 ( B、C、D、E )。

- A. 与“组成型”剪接的机制完全不同
- B. 可以从单个基因产生多种同工蛋白，即添加或缺失少数氨基酸的变异蛋白
- C. 涉及不同的 5' 和 3' 剪接位点
- D. 被用于在不同组织，不同的发育阶段产生不同的蛋白质
- E. 可以跨越外显子，也可涉及可变外显子或保留内含子
24. 多数情况下，剪接发生在同一个 RNA 分子内部，但反式剪接（ A、B、D、E ）。
- A. 已被证实存在于天然和合成的内含子中
- B. 涉及前 mRNA 与独立的 SL RNA 间的剪接
- C. 与顺式剪接的机制完全不同
- D. 有时是锥虫与线虫的剪接方式
- E. 将同一个 5' 外显子（SL RNA）剪接到所有 mRNA 上
- F. 只需要 U1 snRNP 与 U5 snRNP
25. tRNA 中的内含子（ B、C、D ）。
- A. 通过两步转酯反应被切除
- B. 具有与反密码子互补的序列
- C. 都形成相似的二级结构
- D. 由蛋白酶（内切核酸酶和连接酶）切除
- E. 在 5' 和 3' 剪接位点的序列是保守的
26. 在前 mRNA 上加多聚腺苷酸尾巴（ B、D ）。
- A. 涉及两步转酯机制
- B. 需要保守的 AAUAAA 序列
- C. 在 AAUAAA 序列被转录后马上开始
- D. 通过一个多组分复合物的逐步组装进行
- E. 由依赖于模板的 RNA 聚合酶催化
27. 真核细胞 mRNA 前体的长度由（ B ）。
- A. 转录终止位点形成的茎环结构决定
- B. 其 3' 端的聚腺苷酸化位点所决定，转录产物在此位点被切割并加上 poly(A)
- C. 在终止位点与 RNA 聚合酶 II 结合的终止蛋白决定
- D. 将所有初始转录产物加工成最终长度的前 mRNA 的核酸外切酶决定
- E. 加帽、聚腺苷酸化及内含子的剪接所决定
28. 下列关于 mRNA 降解的正确叙述是（ A、B、C、D、E ）。

- A. 原核 mRNA 的降解由核酸内切酶从核糖体翻译的后面 5' 端开始
- B. 原核 mRNA 的降解通常由核酸外切酶从 3' → 5' 进行
- C. 真核 mRNA 的降解依赖于末端序列中多个特异性失活元件
- D. 真核 mRNA 的降解依赖于 poly(A)核糖核酸酶的作用
- E. 所有的 mRNA 在 5' 端的降解通常涉及核糖核酸内切酶活性
29. 原核细胞信使 RNA 含有几个其功能所必需的特征区段，它们是 ( D )。
- A. 启动子、SD 序列、起始密码子、终止密码子、茎环结构
- B. 启动子、转录起始位点、前导序列、由顺反子间区序列隔开的 SD 序列和 ORF、尾部序列、茎环结构
- C. 转录起始位点、尾部序列、由顺反子间区序列隔开的 SD 序列和 ORF、茎环结构
- D. 转录起始位点、前导序列、由顺反子间区序列隔开的 SD 序列和 ORF、尾部结构
30. tRNA 参与的反应有 ( B、C )。
- A. 转录      B. 反转录      C. 翻译      D. 前 mRNA 的剪接      E. 复制
31. 氨酰 tRNA 的作用由 ( B ) 决定。
- A. 其氨基酸      B. 其反密码子
- C. 其固定的碱基区      D. 氨基酸与反密码子的距离
- E. 氨酰 tRNA 合成酶的活性
32. I 组内含子能利用多种形式的鸟嘌呤，如 ( A、B、C、D )。
- A. GMP      B. GDP      C. GTP
- D. dGDP      E. ddGMP (2', 3'-双脱氧 GMP)
33. I 组内含子折叠成的复杂二级结构 ( A、C、D、E )。
- A. 有长 9bp 的核苷酸配对      B. 对突变有很大的耐受性
- C. 形成可结合外来 G 和金属离子的“口袋”      D. 使内含子的所有末端都在一起
- E. 在剪接过程中发生的构象重组      F. 利用 P1 和 P9 螺旋产生的催化中心
34. RNase P ( A、B、C、E )。
- A. 其外切核酸酶活性催化产生 tRNA 成熟的 5' 端      B. 含有 RNA 和蛋白质组分
- C. 体内切割需要两个组分      D. 体外切割需要两个组分
- E. 采用复杂的二级与三级结构形成催化位点
35. 锤头型核酶 ( A、B、D )。

- A. 是一种具有催化活性的小分子 RNA
- B. 需要仅含有 17 个保守核苷酸的二级结构
- C. 不需要  $Mg^{2+}$  协助
- D. 可用两个独立的 RNA 创建锤头型核酶

36. I 组剪接需要 ( A、B、F )。

- A. 单价阳离子
- B. 二价阳离子
- C. 四价阳离子
- D. U1 snRNP
- E. 一个腺苷酸分支点
- F. 一个鸟嘌呤核苷酸作为辅助因子

37. 在 I 组剪接的过程中, ( A、D、E )。

- A. 游离的 G 被共价加到内含子的 5' 端
- B. GTP 被水解
- C. 内含子形成套索结构
- D. 在第一步, G 的结合位点被外来的 G 占据, 而在第二步时, 被 3' 剪接位点的 G 所取代
- E. 被切除的内含子继续发生反应, 包括两上环化反应

38. 在锥虫的线粒体中, RNA 编辑 ( A、B、E )。

- A. 被广泛用于改变许多 mRNA 的编码能力
- B. 只在每个 mRNA 上改变单个核苷酸
- C. 只加上 G 和缺失 G
- D. 由向导 RNA 指导进行, 其中向导 RNA 与编辑前 mRNA 上被编辑区域区域相邻的碱基互补
- E. 所用的向导 RNA 上有一小段区域与被编辑的 mRNA 互补
- F. 进行的方向与转录方向相同

39. 在哺乳动物细胞中, RNA 编辑 ( A、B、D )。

- A. 可能在转录后水平改变一个基因的编码能力
- B. 能在小肠细胞中的 apo-B mRNA 的中部插入一个终止密码子, 在肝脏细胞中却不能
- C. 通常使每个 mRNA 都发生很大的变化
- D. 通过脱氨基可能改变特定的核苷酸

### 三、判断题

1. 转录的起始位点 (stp) 决定的模板链上嘧啶核苷酸的位置, 在此形成第一个杂合的 RNA 和 DNA 碱基对。( 错误 )

2. 噬菌体 T7 启动子，可被大肠杆菌 RNA 聚合酶识别也可被 T7 RNA 聚合酶识别。（正确）
3. 真核细胞中的 RNA 聚合酶仅在细胞核中有活性。（错误）
4. 在 RNA 的合成过程中，RNA 链沿 3' → 5' 方向延长。（错误）
5. 候选三磷酸核苷通过对生长中 RNA 链的  $\alpha$  磷酸的亲核攻击加到链上。（正确）
6. 核不均一 RNA 是 mRNA 和 rRNA 的前体而不是 tRNA 的前体。（错误）
7. 密码子 AUG 专门起 mRNA 分子编码区的终止作用。（错误）
8. tRNA<sup>Met</sup> 的反密码子是 TAC。（错误）
9. RNA 聚合酶能以两个方向同启动子结合，并启动相邻基因的转录。但是，模板链的选择由另外的蛋白质因子确定。（错误）（启动子决定 RNA 聚合酶的作用方向并确定了模板的选择）
10. 细菌细胞用一种 RNA 聚合酶转录所有的 RNA，而真核细胞则有三种不同的 RNA 聚合酶。（正确）
11. 转录因子具有独立的 DNA 结合和转录激活结构域。（正确）
12. 每个转录因子结合位点被单个转录因子识别。（错误）
13. 纠正下列一段话中的错误：  
在大肠杆菌中，通过 RNA 聚合酶同操纵基因/启动子的结合来起始转录。与转录起点碱基互补的 dNTP/NTP 同  $\delta$  亚基/ $\beta$  亚基 结合，然后是第二个 dNTP/NTP 通过与第一个 dNTP/NTP 形成 2'→5'/3'→5' 磷酸二酯键而结合上。当生成的 RNA 链约有 12 个核苷酸长度时， $\beta$  / $\delta$  亚基脱离 DNA/RNA 聚合酶，RNA 链在全酶的作用下继续延伸。当 DNA/RNA 聚合酶在 RNA/DNA 链上遇到终止密码子/终止信号时，转录作用停止。
14. 如果剪接发生在一个内含子的 GU 序列与相邻内含子的 AG 序列间，会使位于两个内含子之间的外显子缺失。（正确）
15. 真核生物中有些 RNA 转录后是不需要加工的，如 5S rRNA。（正确）
16. 可变剪接的存在说明剪接不是一个精确的过程。（错误）
17. 一些前 mRNA 通过可变剪接，产生具有相同编码能力的 mRNA。（错误）
18. RNA 聚合酶 II 转录物的 3' 端进行转录后加工。它需要在转录物的 3' 非转录区具有保守的 AAUAAA 序列。（正确）
19. RNA 编辑是在转录之前或转录之后发生的 mRNA 序列组成一系列不同寻常的反应过程。（错误）
20. RNA 编辑在锥虫的线粒体中经常出现，主要包括多聚 C 残基的添加和缺失。（错误）
21. I 组剪接分两步进行。首先，一个外源腺苷残基的 3' -OH 攻击内含子第一个核苷酸的 5' 端。（错误）
22. 一些内含子具有可读框，它们编码能使内含子移动到基因组内新位点的蛋白质。（正确）

23. RNase P 是在 t RNA 加工过程中起作用的酶，含有蛋白质和 RNA 两种成分，无论在体内和体外，起作用时都需要 RNA 和蛋白质存在。（错误）

#### 四、简答题

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  $\sigma$  亚基识别转录起始点上游的启动子同源序列，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，形成起始复合物，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。

2. 转录涉及模板链和编码链的分离，解释在转录中单链 DNA 是怎样被保护的。

答：

转录过程中模板与编码链的分离时，RNA 聚合酶覆盖了整个转录泡—从解旋位点到螺旋重新形成位点，以此单链的 DNA 被保护。

3. 概括说明  $\sigma$  因子对启动子调节的辅助功能。

答：

$\sigma$  因子 (RpoN) 有识别启动子序列的结构域。作为游离的蛋白质， $\sigma$  因子并不具与 DNA 结合的构象。当  $\sigma$  因子与核心酶结合后构象发生改变，其 N 端游离出与 DNA 结合的结构域。 $\sigma$  因子的这一调节方式防止了游离的  $\sigma$  因子与启动子区的结合，阻碍了依赖全酶的转录起始。另外，也可防止形成全酶的  $\sigma$  因子的浓度被稀释，因为每 3 个核心酶对应一个  $\sigma$  因子。

4. 什么是增效与减效突变？

答：

顺式作用的启动子等调节序列的突变不是阻碍相应的转录单元转录所必需的，然而，转录启动的效率可能会下降，相邻基因的转录会减弱，这样的突变称为减效突变。若改变启动子序列的突变能增强转录启动的效率，则称为增效突变。

5. 细胞促旋酶突变通常是致死的，但是促旋酶/拓扑异构酶 I 突变却可以成活，其原因何在？

答：

促旋酶是拓扑异构酶 II，可在 DNA 中引入负超螺旋，增加 DNA 的超螺旋数。拓扑异构酶 I 则能释放高度负超螺旋化的 DNA。单个拓扑异构酶突变体可导致 DNA 的拓扑学性质发生不可逆的改变，严重影响转录过程。在两种拓扑异构酶同时发生突变时，若不使 DNA 暴露在使 DNA 损伤的外界压力下（可能会导致单链 DNA 分子的断裂），则超螺旋 DNA 仍能保持完整地构象。

6. 解释  $\sigma$  因子是怎样选择专一性启动子共有序列而启动不同基因表达的（考虑对环境压力的应答）。

答：

$\sigma$  因子对不同基因的启动子同源序列有特异选择性。不同  $\sigma$  因子与核心酶结合形成不同的全酶，启动相应基因表达。如果一些  $\sigma$  因子不是组成型而是受环境或发育信号所诱导的，则细胞会表现出差异的基因表达。

7. *rpoN* 基因编码  $\sigma$  因子-- $\sigma^{54}$ ，它具有不同于已知原核生物的  $\sigma$  因子的特征。请与 *E.coli* 的  $\sigma$  因子-- $\sigma^{70}$  (*RpoD*) 做比较讨论这些特征。

答：

细菌  $\sigma$  因子 [ $\sigma^{70}$  (*RpoD*)] 作为全酶的一部分与 DNA 结合，而由 *rpoN* 基因编码的  $\sigma$  因子-- $\sigma^{54}$  本身具有与 DNA 结合的功能，使其能不依赖于核心酶与 DNA 结合。*RpoN* 蛋白的功能像真核生物中的转录因子，通过蛋白质与蛋白质的作用将核心酶导向启动子。

8. 在原核生物中，核心酶与 DNA 的松散结合和紧密结合之间存在一种平衡，为什么这比核心多聚酶自身形成游离与结合平衡更有利？

答：

核心酶与 DNA 具有高度的亲和力，只有少量的 RNA 聚合酶是以游离状态存在。转录起始前后，RNA 聚合酶均是非特异地与基因组 DNA 松弛结合。如果核心酶与  $\sigma$  因子结合，全酶只对紧密结合位点，即转录起始位点有较高的亲和力。因此核心酶与 DNA 松弛与紧密结合的平衡反映了核心酶与全酶之间的平衡。这样才能保证有高效的转录起始。

9. 区别（1）启动子增效突变与启动子减效突变。（2）上游序列和下游序列。

答：

（1）启动子内部的突变会增强或降低转录水平；

（2）同启动子有关，上游序列同转录方向一致，上游序列同转录方向相反。

10. 为什么只有 DNA 双螺旋中的一条链能被正常地转录？

答：

如果两条链都被转录，不仅每个基因能编码两个不同的多肽，同是会因互补而产生一致。

11. 哪三个序列对原核生物 mRNA 的精确转录是必不可少的？

答：

-35 序列（RNA 聚合酶结合位点），-10 序列（RNA 聚合酶起始位点）和终止子。

12. 说明因 RNA 聚合酶-启动子不同的相互作用如何导致不同基因的转录。

答：

启动子具有不同的与 RNA 聚合酶结合的保守序列，这些序列能分别被与不同的  $\sigma$  因子结合的

RNA 聚合酶核心酶分子或不同种的 RNA 聚合酶分子识别。

13. 原核生物的核糖体 RNA 和 tRNA 相对较稳定并且半衰期长，而 mRNA 却不稳定，很快被降解。请解释这种稳定性的差异。

答：

如果 mRNA 的寿命很长，就不可能通过控制 mRNA 的合成速度调节基因的活性；

如果的 rRNA 和 tRNA 寿命长，就会更经济。

14. 一个 tRNA 基因的启动子序列突变将会分别对①基因产物和②细胞或生物体的表型有什么影响？

答：

(1) 因为 RNA 聚合酶 III 的启动子位于基因内，启动子序列的变化，将会改变前体 tRNA 的核苷酸序列；

(2) 可能没有，因为 tRNA 基因是过剩的。

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、启动子通常位于基因的上游	6、聚合酶 III 的启动子位于被转录的序列之中
7、转录单位常常含有多基因	7、转录单位只含一基因

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。

17. 哪些转录因子含有 TBP？为什么它们被称为定位因子？请用一个模型解释为什么所有三种 RNA

聚合酶都能与 TBP 发生作用？

答：

TBP 是聚合酶 I 因子 SL1、聚合酶 II 因子 TFIID 和聚合酶 III 因子 TFIIB 的组成成分。所以这些蛋白都能帮组 RNA 聚合酶定位于起始位点的附近。TBP 可能与这三种聚合酶都具有的一个亚基相互作用。

18. 什么是转录起始前复合体？

答：

前起始复合体包含与 RNA 聚合酶相结合所必需的基本转录因子。

19. RNA 聚合酶 III 的内部启动子位于起始位点下游 50 个核苷酸的位置，它是如何被定位并正确起始转录的？

答：

TFIIIA 和 TFIIIC 因子结合于 RNA 聚合酶 III 的内部启动子上并吸引 TFIIIB 结合到起始位点上游的一个位点，接着 TFIIIB 将 RNA 聚合酶 III 定位到起始位点。

20. 对带有内部启动子的 RNA 聚合酶 III 基因有什么样的编码限制因素？

答：

A、B、C 盒必须能够被与之结合的 RNA 聚合酶 III 的转录因子所识别。因此它们与共同序列不能相差太大。因为这些元件就位于 RNA 聚合酶 III 转录物的编码区内，所以它们限制了该区域内的转录物的编码能力。

21. 当一段活性转录 DNA 受损时，模板首先被修复。请用一下模型解释这一现象。

答：

TFIIH 以两种形式存在：激活复合物和修饰复合物。在转录起始之后，激酶形式被修饰酶形式所代替。当遇到受损的 DNA 时，RNA 聚合酶活性下降。这可能成为激活 TFIIH 修复合性的信号。

22. 酵母 U6 sRNA 基因有一个 TATA 框位于上游，在基因内有一个弱的 A 框，基因下游的远端还有一个保守的 B 框。体外实验时，RNA 聚合酶 II 和 III 都可以转录这个基因，但体内实验发现只有 RNA 聚合酶 III 可放转录它。如何确定该基因启动子的聚合酶特异性？

答：

A 框和 B 框结构 TFIIIC，TFIIIC 能够吸引 TFIIIB。TFIIIB 中的 TBP 与 TATA 框的相互作用帮助 TFIIIB 稳定结合于上游区域。如果 A、B 框位于正确的位置并能很好地互相匹配那就不需要 TATA 框了。

23. 举例说明单链核酸中形成茎环结构的重要性。

答：

单链核酸形成的茎环结构是固有的转录终止子，例如，RNA 中的茎环结构。

24. 用负超螺旋环状 DNA 样品进行体外转录实验。但是预实验中并没有获得满意的结果，试讨论改进实验的可行方法。

答：

由于 DNA 是高度卷曲所以不能有效转录，改进的办法是加入 DNA 促旋酶，可以去除负超螺旋，使 DNA 处于松弛状态，就可以进行转录实验。

25. 组蛋白 *H2A* 基因在所有细胞中都进行表达，而免疫球蛋白基因只在淋巴样细胞中表达。两类基因的启动子都含有转录因子 Oct-1 的结合点，Oct-1 也存在于这两类细胞中，但为什么免疫球蛋白只在淋巴样细胞中表达？

答：

免疫球蛋白基因的表达需要只在淋巴细胞中具有的 Oct-2 或其他转录因子，而单独一个转录因子往往不足以活化基因，同时必须考虑整个启动子。只有 DNA 重排在启动子的作用范围内产生一个下游增强子之后，免疫球蛋白才能被完全激活。

26. RNA 聚合酶 II 起始转录后，起始复合的必须转变为延伸复合物。因此聚合酶复合物必须解旋一小段 DNA。在线性 DNA 上，解旋需要 ATP、TFIIE、TFIIH 和解决旋酶活性。然而，超螺旋 DNA 的转录并不需要这些因子。请解释这一现象。

答：

对于线性 DNA，TFIIE、TFIIH 和 ATP 是聚合酶 II 复合体前方的 DNA 解旋所必需的。这些因子并不是超螺旋 DNA 转录所必需的，因为它们只在负超螺旋的解旋中活性较高。

27. RNA 聚合酶 III 特异性地转录小分子 RNA，但为什么不转录 5.8S rRNA？

答：

5.8S rRNA 是作为前体 rRNA 大分子的一部分被转录的。

28. 当剪接的分支位点被移到内含子内的另一个位置，其活性将会消失。相反，正确位置附件隐藏的一个分支位点被激活，请做出解释。

答：

分支位点位于疏松的剪接共有序列中。它最早发现于多聚嘧啶区和 3' 剪接位点附近。当一个真正的分支位点从多聚嘧啶区和 3' 剪接位点移走之后，它将不能被 U2 snRNP 所识别。这时多聚嘧啶区附近的 A 残基起分支位点的作用。

29. 请列举剪接体组装过程中的各个步骤，其中哪一个复合物是具有活性的剪接体？

答：

在剪接体组装中, U1 snRNP 结合于 5' 剪接位点, U2AF 结合于多聚嘧啶序列上。U2 snRNP 结合于分支位点形成 A 复合物。接着加上 U4/U6-U5 三聚体形成 B1 复合物。snRNP 的重排形成 B2 复合物 (U5 从外显子转移到内含子上, U6 在 5' 剪接位点代替 U1)。进一步的 snRNP 重排形成 C1 和 C2 复合物 (释放 U4, U6/U2 形成催化中心), 它们是剪接体的活化形成。

30. U5 snRNP 与 5' 剪接位点间作用的基础是什么? 如何证明?

答:

U1 与 5' 剪接位点通过 U1 RNA 的 5' 端与 5' 剪接位点保守序列以 RNA-RNA 碱基配对形式相互作用。这可以从两方面进行证明: 一是在 5' 剪接位点制造一个破坏与 U1 进行碱基配对的突变可抑制剪接; 第二是在 U1 RNA 中设计一些能够恢复碱基配对的突变使剪接得以进行。U1 RNA 对 5' 剪接位点突变的补偿性突变能够恢复剪接, 令人信服地证明这些 RNA 是通过碱基配对互相作用的。

31. 列举前 mRNA 剪接过程中发生的 6 种 RNA-RNA 相互作用?

答:

U1-5' 剪接位点、U2-分支位点、U4-46、U2-U6、U6-5' 剪接位点、U5-外显子。

32. 通过遗传筛选, 在酵母中分离得到许多与前 mRNA 剪接有关的基因。其中几个基因编码 RNA 解旋酶。如何解释前 mRNA 剪接需要多个 RNA 解旋酶? 这些酶可能在哪一步反应中起作用?

答:

剪接小体的组装包括很多 RNA 螺旋的形成和解旋过程, RNA 螺旋的解旋需要 RNA 解旋酶的作用。剪接小体组装的时的 snRNA 重组 (如 U4 和 U6 的去组装) 需要这些酶。

33. 前 mRNA 剪接体的催化中心是什么? 它是如何形成的? 有什么证据可以证明这个模型?

答:

催化中心由 U2 和 U6 RNA 及内含子组成。它形成于装配的剪接小体 C 复合物中。由 U2-U6 配对形成的二级结构看起来与 II 组内含子的结构域 5 相似。

34. 据说前 mRNA 的剪接是从 II 组剪接进化而来的。有什么证据可以证明这一点? 是如何发生的? 这种进化为什么对生物体有利?

答:

II 组内含子和前 mRNA 的剪接有着相同的反应机制、相同的剪接位点, 在催化中心形成相同的二级结构。前 mRNA 内含子可能由 II 组内含子进化而来。在进化过程中, II 组内含子中被切除的结构域插入到分隔的基因中, 这些结构域只能成为 snRNA。它们通过分开片段的相互作用形成 II 组内含子的催化中心。这对生物体来说是有利的, 因为它们不再需要内含子了。内含子序列可以自由地进化形成新基因, 而且它提供了多种 II 组内含子不具备的剪接方式。

35. 可变剪接如何控制果蝇中的性别分化？

答：

性别决定中包括多种剪接事件。在雌性中，常染色体与 X 染色体的比导致 *Sex-lethal* 基因以雌性方式被剪接从而产生 Sxl 蛋白。Sxl 蛋白使性别转换基因(*transformer*)以雌性方式进行剪接产生 Tra 蛋白。Tra 蛋白诱导了性别转换基因-2(*transformer-2*)以雌性方式进行剪接产生 Tra2 蛋白。Tra2 蛋白使 *doublesex* 基因以雌性方式剪接形成雌性特异的 Dsx 蛋白，这种蛋白质抑制雄性基因的表达导致雌性的发育。在雄性中没有 Sxl、Tra 或 Tra2 蛋白的产生。而雄性特异的 Dsx 蛋白的产生导致了雄性的分化。

36. 比较 RNA 聚合酶 I、II、III 催化的转录终止过程和转录产物 3' 端的形成。

答：

RNA 聚合酶 I 终止于由核内切割产生的成熟 3' 端下游 1000 个碱基的固定位点上。RNA 聚合酶 III 当遇到一个四 U 残基序列时终止（更确切地说，是在模板链上有四个 A 残基）。U 残基必须位于富含 GC 的区域中，转录常终止于第二个 U。而 3' 端不再进一步加工（除了在 tRNA 中由一系列特殊的酶进行加工外）。RNA 聚合酶 II 经过成熟转录物的末端后继续前进。在切除 AAUAAA 序列的下游之后加上一个 poly(A)尾巴，这样就形成了 3' 端。

37. 组蛋白 mRNA 3' 端的加工需要什么样的 RNA 结构？如何证明所涉及的是 RNA 的二级结构而不是初级结构？在其他反应中会形成类似的结构吗？

答：

组蛋白 mRNA 3' 端的加工需要一个内部发夹环结构及与 U7 snRNA 进行碱基配对。可通过 DNA 螺旋侧面的核苷酸突变来检测二级结构（组蛋白内部发夹环结构和组蛋白-U7 分子间螺旋）的作用，这些突变会破坏加工过程，然后在 DNA 螺旋另一侧面制造突变使之回复碱基配对能力恢复加工功能。如果出现这种情况就说明二级结构对加工更重要。U7 snRNA 对切割位点的识别恢复了 U1 snRNA 与 5' 剪接位点、U2 snRNA 与分支位点区域的相互作用。

38. 如何确定在一个多内含子基因的剪接过程中，内含子初切除的顺序？

答：

用一系列不同内含子和外显子的探针标记——Northern 印迹可以检测内含子去除的顺序。

39. 为什么 mRNA 的翻译起始密码子的上游必须含有不被翻译的核糖核苷酸？

答：

原核与真核细胞的 mRNA 必须在翻译起始密码子上游有一段不被翻译的核糖核苷酸上游区（前导序列），一则可以为核糖体结合提供位点，二则保持结合的稳定性。

40. 在 RNA 编辑中，向导 RNA (gRNA) 的作用是什么？它的哪些部分分别与①编辑前 mRNA；



答:

原核生物和真生物 mRNA 的差别在于可翻译顺反子的数目,真核生物的 mRNA 是单个顺子。而且,真核生物的 mRNA 在其 3' 端有多聚腺嘌呤尾巴 poly(A),而 5' 端有 7-甲基鸟嘌呤帽子。真核生物的 mRNA 尾部区域有时会携带特定的去稳定因子。

45. 在体内, rRNA 和 tRNA 都具有代谢的稳定性,而 mRNA 的寿命却很短,原因何在?

答:

在不同的营养状态或细胞分化期间, mRNA 的(种类和数量)变化很大; rRNA 和 tRNA 则无此特性。

46. 为什么真核生物核糖体 RNA 基因具有很多拷贝?

答:

因为 rRNA 需要的量很大,并且没有翻译扩增作用。

47. 为什么说信使 RNA 的命名源自对真核基因表达的研究,比说源自对原核基因表达的研究更为恰当?

答:

真核基因表达过程是被区室化的。mRNA 的合成与成熟是在细胞核中完成的,翻译则发生在细胞质中,转录“信息”被传递到细胞核外的核糖体中。由于真核细胞 mRNA 的半衰期比原核细胞 mRNA 长而且可以通过多种实验方法干扰转录“信息”的传递,因此可分离出真核细胞的 mRNA。

48. 说明为什么 mRNA 仅占细胞 RNA 总量的一小部分(3%-5%)。

答:

mRNA 只占总 RNA 的 3%-5%,这主要是有以下两个原因:①由于需要大量的核糖体和稳定的 tRNA 群,因此 mRNA 合成量比其他 RNA 的量要少;②由于对内切酶与外切核酸酶敏感,mRNA 容易自发地降解,所以在原核细胞中 mRNA 的半衰期只有 2-15min,真核细胞中也只有 4-24h。

49. 为何 rRNA 和 tRNA 分子比 mRNA 稳定?

答:

mRNA 游离存在于细胞之中,并且被特异的单链 RNA 核酸酶所降解。tRNA 和 rRNA 是部分双链的,所以能够免遭核酸酶的攻击。另外,rRNA 不是游离存在的,通常同蛋白质结合形成核糖体。

50. 列举 4 种天然存在的具有催化活性的 RNA。

答:

I 组内含子、II 组内含子、RNase P、锤头型核酶。

51. I 组内含子发生改变后,可以产生其他酶的活性吗?如果可以,是哪些活性?这意味着 I 组内含子的催化中心有什么特点?

答:

可以。这些活性包括:RNA 聚合酶、内切核酸酶、磷酸连接酶的活性。将 I 组内含子转变成这些酶的能力表明它能结合于 RNA 的糖-磷酸骨架并能催化在它前后的几个不同反应。例如,连接是剪切的相反反应。

52. 某些自剪接的内含子具有可读框,它们编码何种蛋白质?这与内含子的移动有什么关系。

答:

编码的蛋白质有:反转录酶、内切核酸酶、成熟酶。这些蛋白质产生内含子的一个 DNA 拷贝并在染色体一个新位点上打开双链以便插入内含子。

## 第 8 章 翻译

### 一、填空题

1. 氨酰 tRNA 合成酶 可使每个氨基酸和它相对应 tRNA 分子相耦联形成一个 氨酰 tRNA 分子。
2. 核糖体 包括两个 tRNA 分子的结合位点: 肽酰 tRNA 结合区, 即 P 位点, 紧密结合与多肽链延伸末端连接的 tRNA 分子; 氨酰 tRNA 结合区, 即 A 位点, 结合带有一个氨基酸的 tRNA 分子。
3. 肽酰转移酶 催化肽键的形成, 一般认为这个催化反应是由核糖体大亚基上的 rRNA 分子介导的。
4. 释放因子蛋白与核糖体上 A 位点的 终止 密码结合, 导致肽基转移酶水解连接新生多肽与 tRNA 分子的化学键。
5. 任何 mRNA 序列能以三种 可读框 的形式被翻译, 而且一种都对应一种完全不同的多肽链。
6. 蛋白质合成的起始过程很复杂, 包括一系列被 起始因子 催化的步骤。
7. 在所有细胞中, 都有一种特别的 起始 tRNA 识别 起始 密码子 AUG, 它携带一种特别的氨基酸, 即 甲硫氨酸, 作为蛋白质合成的起始氨基酸。
8. 核糖体沿着 mRNA 前进, 它需要另一个延伸因子 EF-G, 这一步需要 GTP 的水解。当核糖体遇到终止密码 (UAG、UGA、UAA) 的时候, 延长作用结束, 核糖体和合成的多肽被释放出来。翻译的最后一步被称为 终止, 并且需要一套 释放 因子。
9. 氨酰 tRNA 合成酶 “补充” tRNA 分子, 而 肽酰转移酶 催化肽链的合成。
10. 假定摆动假说是正确的, 那么最少需要 32 种 tRNA 来翻译 61 种氨基酸密码子。

11. 胶原蛋白通过在不同的脯氨酸残基上添加 羟基 基团而被化学修饰。这个反应是由两种酶催化的，它们是 脯氨酰-3-羟化酶 和 脯氨酰-4-羟化酶。其他的一些蛋白质被则叫作 蛋白激酶 磷酸化。蛋白质添加寡聚糖的过程叫作 糖基化作用，而添加脂肪酸链则叫作 酰基化作用。O-寡聚糖是一种同 丝氨酸 或 苏氨酸 残基上氧连接的寡聚糖，而 N-寡聚糖是通过与 天冬酰胺 上的氮原子连接而成。N-寡聚糖又是从同一种叫作 常醇 脂的前体寡聚糖衍生而来。
12. 阿黑皮素原是 多聚蛋白 被切割以后可以产生很多活性蛋白质的一个例子。如 骨髓灰质炎病毒 之类的 RNA 病毒也能合成类似的结构物。蛋白质水解过程也涉及细胞外毒素的活性，如蜜蜂的 布鲁菌素 和动物激素的活性，如 胰岛素 和 胰高血糖素。

## 二、选择题（单选或多选）

1. 氨酰 tRNA 分子同核糖体结合需要下列哪些蛋白质因子参与？（ **B、D、E** ）
- A. EF-G      B. EF-Tu      C. EF-Ts      D. eIF-2      E. EF-1
2. 在真核生物细胞中，翻译的哪一个阶段需要 GTP？（ **B、C** ）
- A. mRNA 的 5' 端区的二级结构解旋      B. 起始 tRNA 同核糖体的结合
- C. 在延伸的过程中，tRNA 同核糖体的结合      D. 核糖体的解体
- E. 5' 帽子结构的识别
3. 下列关于原核生物转录的叙述中正确的是（ **A、D、E** ）。
- A. 核糖体的小亚基能直接同 mRNA 作用
- B. IF-2 与含 GDP 的复合物的起始 tRNA 结合
- C. 细菌蛋白质的合成不需要 ATP
- D. 细菌所有蛋白质的第一个氨基酸是修饰过程的甲硫氨酸
- E. 多肽链的第一个肽键的合成不需要 EF-G
4. 下面关于真核生物翻译的叙述中正确的是（ **A、E** ）。
- A. 起始因子 eIF 只有同 GTP 形成复合物才起作用
- B. 终止密码子与细菌的不同
- C. 白喉毒素使 EF-1 ADP-核糖酰化
- D. 真核生物蛋白质的第一个氨基酸是修饰过程的甲硫氨酸，在蛋白质全盛完成之后，它马上被切除
- E. 真核生物的核糖体含有两个 tRNA 分子的结合位点
5. 下列叙述不正确的是（ **A** ）。

- A. 共有 20 个不同的密码子代表遗传密码    B. 色氨酸和甲硫氨酸都只有一个密码子  
C. 每个核苷酸三联体编码一个氨基酸    D. 不同的密码子可能编码同一个氨基酸  
E. 密码子的第三位具有可变性
6. 起始因子 IF-3 的功能是 ( B )。
- A. 如果同 40S 亚基结合, 将促进 40S 与 60S 亚基的结合  
B. 如果同 30S 亚基结合, 将促进 30S 与 50S 亚基的结合  
C. 如果同 30S 亚基结合, 促进 30S 亚基的 16S rRNA 与 mRNA 的 SD 序列相互作用  
D. 指导起始 tRNA 进入 30S 亚基中与 mRNA 结合的 P 位点  
E. 激活核糖体的 GTP 酶, 以催化与亚基相连的 GTP 的水解
7. 真核起始因子 eIF-3 的作用是 ( B )。
- A. 帮助形成亚基起始复合物 (eIF-3、GTP、Met-tRNA、40S)  
B. 帮助亚基起始复合物 (三元复合物、40S) 与 mRNA 5' 端的结合  
C. 若与 40S 亚基结合, 防止 40S 与 60S 亚基的结合  
D. 与 mRNA 5' 端帽子结构相结合以解开二级结构  
E. 激活核糖体 GTP 酶, 使亚基结合可在 GTP 水解时结合, 同时释放 eIF-2
8. 核糖体的 E 位点是 ( B )。
- A. 真核 mRNA 加工位点    B. tRNA 离开原核生物核糖体的位点  
C. 核糖体中受 EcoR I 限制的位点    D. 电化学电势驱动转运的位点
9. 下列关于核糖体肽酰转移酶活性的叙述正确的是 ( A、B、E )。
- A. 肽酰转移酶的活性存在于核糖体大亚基中 (50S 或 60S)  
B. 它帮助多肽链的 C 端从肽酰 tRNA 转到 A 位点上氨酰 tRNA 的 N 端  
C. 通过氨酰 tRNA 的脱乙酰作用, 帮助氨酰 tRNA 的 N 端从 A 位点移至 P 位点中肽酰 tRNA 的 C 端  
D. 它水解 GTP 以促进核糖体的转位  
E. 它将肽酰 tRNA 去酰基
10. 核糖体肽链的合成因 ( B、D ) 而终止。



- A. 存在的 tRNA 的数量所决定                      B. 可翻译的 mRNA 密码子的数量所决定
- C. 由所用的氨基酸数量所决定                      D. 各个物种的种类所决定
17. 下列有助于抑制功能的是 ( B、C、D、E )。
- A. 使用 tRNA 类似物, 如嘌呤霉素                      B. 在 tRNA 修饰酶的结构基因中引入点突变
- C. 在氨酰 tRNA 合成酶结构基因引入点突变
- D. 提高 tRNA 阻抑物的竞争效率 (如与释放因子和正确的 tRNA 的竞争)
- E. 在编码 tRNA 的基因的反密码子区中引入点突变
18. 密码子反密码子间的相互作用构成了翻译准确度的一个薄弱点, 在体内它受以下因素控制 ( B )。
- A. tRNA 与 A 位点结合时, 对大亚基蛋白质的选择性
- B. 核糖体依赖于密码子侧翼序列产生的不同前进速度
- C. 延伸因子与糖体 A、P 位点相互作用的特异性
- D. tRNA 与 A 位点结合时, 对小亚基蛋白质的选择性
- E. 释放因子与 tRNA 的竞争
19. 以下哪些不是遗传密码的特征? ( A )
- A. 密码子与氨基酸的数量相同                      B. 密码子几乎在任一物种中都通用
- C. 一些氨基酸由多个密码子编码                      D. 密码子是简并的
20. Yanofsky 通过研究 ( ) 中 ( ) 的生物合成机制, 破解遗传密码。( C )
- A. 沙门杆菌, 亮氨酸                      B. 肺炎克氏杆菌, 苯丙氨酸
- C. 大肠杆菌, 色氨酸                      D. 塞氏杆菌, 甘氨酸
21. 细菌核糖体由 ( ) 及 ( ) 亚基组成。 ( B )
- A. 20S, 40S                      B. 30S, 50S
- C. 40S, 60S                      D. 50S, 70S
- E.                      F.
22. 反密码子的化学性质属于 ( A ) 分子。
- A. tRNA                      B. mRNA                      C. rRNA                      D. DNA
15. 正常情况下, 同乙酰化蛋白质氨基末端的甘氨酸相连的脂肪酸是 ( D )。
- A. 软脂酸                      B. 油酸
- C. 十四酸盐 (肉豆蔻酸盐)                      D. 乙酰基
- E. 以上都对
16. 在阿黑皮素原中被识别和切割的氨基酸残基是 ( C )。

- A. 赖氨酸和精氨酸                      B. 谷氨酰胺和甘氨酸  
C. 赖氨酸和天冬氨酰胺                D. 天冬酰胺和赖氨酸  
E. A 和 B, 其中 A 是丙氨酸、天冬氨酸或甘氨酸, B 是丙氨酸或脯氨酸

### 三、判断题

1. 在 tRNA 分子中普遍存在的修饰核苷酸是在掺入 tRNA 转录物结合前由标准核苷酸共价修饰而来。  
(错误)
2. 如果 tRNA<sup>Tyr</sup> 的反密码子发生单个碱基变化且成为丝氨酸的反密码子, 这种 tRNA 被加入到无细胞系统, 所得的蛋白质在原来应为丝氨酸的位置都变成了酪氨酸。(错误)(单个碱基转变后, tRNA<sup>Tyr</sup> 识别两个丝氨酸密码子, UCU/C)
3. 在肽链延伸的过程中, 加入下一个氨基酸比加入氨酰 tRNA 更能激活每个氨酰 tRNA 间的连接。  
(正确)
4. 摇摆碱基位于密码子的第三位和反密码子的第一位。(正确)
5. 核糖体小亚基最基本的功能是连接 mRNA 与 tRNA, 大亚基则催化肽键的形成。(正确)
6. 蛋白质合成时, 每加入一个氨基酸要水解 4 个高能磷酸键 (4 个/密码子), 所消耗的总能量比起 DNA 转录 (每加入一个核苷酸用两个高能磷酸键, 6 个/密码子) 要少。(错误)
7. 因为 AUG 是蛋白质合成的起始密码子, 所以甲硫氨酸只存在于蛋白质的 N 端。(错误)
8. 通过延缓负载 tRNA 与核糖体结合以及它进一步应用于蛋白质合成的时间, 可使与不适当碱基配对的 tRNA 离开核糖体, 提高蛋白质合成的可靠性。(正确)
9. 延伸因子 eFF-1 $\alpha$  帮助氨酰 tRNA 进入 A 位点依赖于 ATP 内一个高能键的断裂。(错误)
10. 三种 RNA 必须相互作用以起始及维持蛋白质的合成。(正确)
11. G-U 碱基负责 fMet-tRNA 对 GUG 的识别。(错误)
12. 无义密码子同等于终止密码子。(正确)

### 四、简答题

1. N-甲酰甲硫氨酸-tRNA 的功能是什么?

答:

N-甲酰甲硫氨酸-tRNA (fMet-tRNA) 是原核细胞的起始氨酰 tRNA, 能够识别 AUG 和 GUG 作为翻译起始密码子, 与 IF-2 结合成复合体进入小亚基的 P 位点。

2. 解释核糖体肽基转移反应。

答:

肽基转移酶的活性区位于大亚基, 邻近氨酰 tRNA 的氨基酸茎、核糖体 P 位点和 A 位点。催化

即转移并将多肽链与在 A 位点的氨酰 tRNA 氨基基因共价结合是由大亚基 rRNA 负责。然而，许多大亚基的蛋白质是必需的。

3. 简述真核细胞中翻译终止的过程。

答：

由于氨酰 tRNA 上没有反密码子能够与三个终止密码子互补配对，因此翻译终止。终止并需要 tRNA 的协助，此时没有氨基酸能够连接到位于 P 位点的肽酰 tRNA 上。释放因子 (eRF) 有助于终止的发生，可能使 tRNA 上的氨基酸 C 端不需要转肽基和脱酰基而发生转位。新生肽直接从 P 位点离开核糖体并进入细胞质 (细胞质核糖体) 或进入转位酶通道 (内质网核糖体)。

4. 真核与原核核糖体的主要区别是什么？

答：

真核细胞 80S 核糖体中核糖体蛋白和 rRNA 数量和体积比原核细胞 70S 核糖体的大，其体积约为原核的 2 倍。真核细胞的大小亚基 (即 40S 和 60S) 均比原核细胞的大 (原核细胞为 30S 和 50S)。在两种细胞的核糖体中，rRNA 占了绝大部分体积，原核细胞的 RNA 含量则比真核细胞高。原核细胞核糖体有 E 位点便于脱酰 tRNA 的离开。

5. 简述真核与原核细胞中翻译起始的主要区别。

答：

原核细胞与真核细胞翻译起始的主要区别是来自 mRNA 的本质差异以及小亚基与 mRNA 起始密码上游区结合的能力。原核细胞 mRNA 较不稳定，而且是多顺反子，在 IF-3 介导下，通过 16S rRNA 的 3' 端在核糖体结合位点与小亚基直接结合后，原核细胞翻译起始复合物 (IF-3、30S、mRNA、IF-2、GTP、fMet-tRNA) 就装配起来了。而在真核细胞中，需要几种起始因子 (eIF-4、4A、4B) 帮助 mRNA 启动，起始复合物 (SIC、40S 亚基、eIF-2、GTP、Met、tRNA) 才能结合 (在 eIF-4 和 eIF-3 因子的促使下) 到 mRNA 帽子上。一旦结合，SIC 开始向 mRNA 下游区搜索，直至找到第一个 AUG 密码子。

6. 氨酰 tRNA 合成酶的功能是什么？

答：

两个类型的 10 种氨酰 tRNA 合成酶各自对应一种功能性氨酰 tRNA。通过两步反应，特定的氨基酸先通过磷酸化与氨酰 AMP 结合，然后与相关的 tRNA 结合 (磷酸二酯键的断裂)，这一反应的精确性是 mRNA 遵循遗传密码进行翻译的基础。

7. 有两个系统发育上十分接近的物种，它们染色体中的 (G+C) % 含量不同，A 株 (G+C) 含量为 55% 而 B 株是 68%。同源及异源转化/重组实验表明：来自 (G+C) % 低的 DNA 易于转化入 (G+C) % 高的生物体/基因组中，反之则不然。请说明原因。

答:

在 AT 含量高的生物中密码子的第三位突变漂移倾向于较高 A+T 含量,而在 GC 含量高的生物中则倾向于较高的 G+C 含量。外源 DNA 的重组似乎与此相似。基因组间密码子使用与不同的 tRNA 种类丰度有关,倾向于翻译效率高和准确性高的特定密码子。

8. 根据翻译过程所涉及各个步骤,设计出至少 6 种抑制翻译的方案。

答:

通过以下影响核糖体加工的方法可以抑制翻译:①阻碍起始因子三级结构的形成;②用反义 RNA 与 mRNA 结合形成双链结构抑制 RNA 翻译;③选择性地封闭 30S 亚基的 P 位点与 A 位点;④引入错义抑制;⑤抑制 30S 与 50S 亚基的装配;⑥抑制转肽反应;⑦抑制核糖体的转位;⑧抑制核糖体的解离。

9. 根据遗传密码字典,将 mRNA 序列 5' -AUGUCCAGACCACGGGCCCUAAA-3' 翻译成多肽,假定翻译从 5' 端的 AUG 开始。如果

- (1) C 改成 G;
- (2) C 改成 A;
- (3) C 被缺失。

答:

Met-Phe-Gln-Ser-Thr-Gly-Pro-Lys。

- (1) Met-Phe-Gln-Arg-Thr-Gly-Pro-Lys;
- (2) Met-Phe-Gln 终止;
- (3) Met-Phe-Gln 终止;

10. 在大肠杆菌的一个无细胞蛋白质合成系统中,耗尽内源 mRNA 后与 poly(AG)的随机多聚体共温育,其中 A:G=3:1。预测何种氨基酸能够掺入到多肽中,以及它们的相对掺入频率。

答:

可能掺入的氨基酸及相对频率如下:

密码	氨基酸	频率
AAA	Lys	$3 \times 3 \times 3 = 27$
AAG		$3 \times 3 \times 3 = 27$
AGA	Arg	$3 \times 3 \times 3 = 27$
GAA	Glu	$1 \times 3 \times 3 = 9$
GAG		$1 \times 3 \times 1 = 3$

GGA		$1 \times 3 \times 1 = 3$	
	Gly		$= 4/61$
GGG		$1 \times 1 \times 1 = 1$	
		总数=61	

11. 为什么说翻译后氨基酸的化学修饰与蛋白质总体构象的形成有关？

答：

蛋白质总体构象取决于不同氨基酸之间氢键和疏水键形成的能力，以及侧链和其他基团对空间结构的影响，这些因素都与翻译后的加工有关。

12. 说明氨基酸残基的磷酸化怎样调节蛋白质的活性？

答：

磷酸基团的添加常常会激活或失活酶。这两种情况在糖原的代谢控制中都能看到。磷酸基团同糖原磷酸化酶结合后将酶由无活性转变为活性状态。相反，糖原合成酶被磷酸化后失活。

13. 比较并指出 O-连接和 N-连接合成途径的异同。

答：

主要差别是：O-连接的侧链是直接多肽上合成，聚糖逐步合成。N-连接的聚糖产生于前体寡聚糖，这种前体寡聚糖是在一种叫作长醇的不饱和脂上合成的，然后 N-聚糖被转给多肽。

14. 为什么大多数移码突变导致多肽链的提前终止？

答：

由于大多数的移码突变都会产生一个相同的链终止密码。

15. 在一个外蛋白质翻译系统中，poly(UC)可被翻译成由 Phe 和 Cys 组成的蛋白质，但其中没有 Ala。1962 年 Chapeville 用拉内镍(Raney nickel)处理携带 Cys 的 tRNA，削弱了 Cys 与 Ala 的连接，当这种被改变的氨酰 tRNA 用于体外系统中时，Ala 能掺入蛋白质中，解释该结果的重要性。

答：

改变了 tRNA 虽然携带丙氨酸，但仍然具有半胱氨酸的反密码子，能对 poly(UG) 中的半胱氨酸的密码子作出反应。因为 poly(UG)不能正常地刺激通过丙氨酰-tRNA 来掺入丙氨酸，所以对每个密码子所掺入的氨基酸就必须依赖于 tRNA 的反密码子，而不是它们所携带的氨基酸。

16. 列出各种 tRNA 所有相同的反应及个别 tRNA 的特有反应。

答：

(1) 相同反应：与核糖体结合；除了起始 tRNA 以外，其他均与延长因子相互作用。

(2) 特殊反应：起始氨酰 tRNA 的甲基化作用；起始氨酰 tRNA 同起始因子的相互作用；密码子与反密码子的碱基配对；由氨酰 tRNA 合成酶催化氨酰化。

17. 起始 tRNA 具有哪些两种与其他 tRNA 不同的特性？

答：

- (1) 带有一个甲酰化的氨基酸（N-甲酰甲硫氨酸）。
- (2) 它是惟一一种同 30S 核糖体亚基-mRNA 复合物内的密码子（AUG）起反应的 tRNA。

18. 区别 tRNA 和 mRNA 在翻译中的作用。

答：

mRNA 是氨基酸装配成多肽的模板。tRNA 一方面是识别特异氨基酸的接头分子，另一方面又可以识别特异的 mRNA 密码子。

答：

19. 氨基酸分子如何与正确的 tRNA 分子连接？

答：

对于每一种氨基酸都有一种特殊的氨酰 tRNA 合成酶，这种酶可以识别自己的氨基酸和相应的空载 tRNA。在 ATP 存在的情况下，它把氨基酸的羧基同 tRNA 3' 端的 CCA 连接起来。

## 第 9 章 原核生物基因表达调控

### 一、填空题

1. 发现乳糖操纵子而获得诺贝尔奖的两位科学家是 Jacob 与 Monod。

2. Walter Gilbert 纯化了乳糖阻抑物，发现其具有两个不同的结合位点，分别是 乳糖结合位点 及 DNA 结合位点。
3. Jacob、Monod 在研究过程中发现多数  $lac^-$  突变菌株可分为两种基因型： $lacZ$  或  $lacY$ 。
4. 在乳糖存在的情况下，葡萄糖依然能够抑制乳糖操纵子的机制称为 代谢物 阻遏。
5. 乳糖操纵子的调控至少依赖于两种蛋白质分子：阻遏蛋白 及 CAP。
6. 能够诱导操纵子但不是代谢底物的化合物称为 安慰 诱导物。能够诱导乳糖操纵子的化合物 IPTG 就是其一例。这种化合物同 阻遏 蛋白结合，并使之与 操纵区 分离。乳糖操纵子的体内功能性诱导物是 异乳糖。
7. 色氨酸是一种调节分子，被视为 辅阻遏物。它与一种蛋白质结合形成 全阻遏物。乳糖操纵子和色氨酸操纵子是两个 负、正 控制的例子。cAMP-CAP 蛋白通过 启动基因转录 控制起作用。色氨酸操纵子受另一种系统 衰减作用 的调控，它涉及第一个结构基因被转录前的转录 终止作用。

## 二、选择题（单选或多选）

2. 下面哪些真正是乳糖操纵子的诱导物？（ **B、D、E** ）
  - A. 乳糖
  - B. 蜜二糖
  - C. O-硝基苯酚- $\beta$ -半乳糖苷 (ONPG)
  - D. 异丙基- $\beta$ -半乳糖苷
  - E. 异乳糖
8. 色氨酸操纵子的调控作用是受两种相互独立的系统控制的，其中一个需要前导肽的翻译。下面哪一种调控这个系统？（ **B** ）
  - A. 色氨酸
  - B. 色氨酸-tRNA<sup>Trp</sup>
  - C. 色氨酸-tRNA
  - D. cAMP
  - E. 以上都不是
9. 负调节物如乳糖阻遏蛋白如何阻止 RNA 聚合酶起始转录？（ **C** ）
  - A. 阻断聚合酶在操纵子上的经过位点
  - B. 形成茎环结构阻断聚合酶的通过
  - C. 物理阻断聚合酶分子上的 DNA 结合位点
  - D. 通过结合聚合酶分子，从而阻止其结合
10. 在基因型为 ( $I^+p^+o^cZYA^+/I^+p^+o^+ZY^+A^-$ ) 的菌株中， $\beta$ -半乳糖苷酶的表达形式应为（ **B** ）。
  - A. 组成型
  - B. 诱导型
  - C. 缺陷型
  - D. 致死型
11. 在基因型为 ( $I^+p^+o^cZYA^+/I^+p^+o^+ZY^+A^-$ ) 的菌株中， $\beta$ -半乳糖苷透性酶的表达形式应为（ **B** ）。

- A. 组成型      B. 诱导型      C. 缺陷型      D. 致死型
12. 为什么葡萄糖可参与乳糖操纵子的代谢阻遏? ( B )
- A. 与乳糖操纵子的调控毫无关联  
B. 乳糖分解生成葡萄糖, 因此葡萄糖的存在可成为细胞内具有正常乳糖水平的信号  
C. 因为葡萄糖也是  $\beta$ -半乳糖苷酶的底物  
D. 葡萄糖的存在增加了细胞内乳糖阻抑物的含量
13. 色氨酸操纵子的终产物——色氨酸如何参与操纵子的调控? ( D )
- A. 结合到阻抑物上, 阻断其与 DNA 的结合, 从而使转录得以进行  
B. 结合到阻抑物上, 使阻抑物与 DNA 结合, 从而使转录得以进行  
C. 色氨酸直接与 DNA 结合, 抑制操纵子转录  
D. 结合到阻抑物上, 形成复合物与 DNA 结合, 阻止转录的进行
15. 细菌一些复杂的生命过程, 例如, 孢子形成、鞭毛合成以及固氮反应中, 多基因是如何进行调控的? ( B )
- A. 多个操纵子受到同步诱导  
B. 按一定顺序级联合成  $\sigma$  因子, 依次启动基因的转录  
C. 前一操纵子的终产物依序作为下一操纵的诱导物  
D. 只涉及单个操纵子, 操纵子内含有与每一步骤相关的各个基因
16. 在色氨酸操纵子中, 衰减作用通过前导序列中两个色氨酸密码子的识别而进行, 如果这两个密码子突变为终止密码子, 会有什么结果? ( E )
- A. 该操纵子将失去对色氨酸衰减调节的应答功能  
B. 突变为组成型基因, 不受色氨酸存在与否的调节      C. 将合成色氨酸合成酶  
D. ABC 现象都不会发生      E. ABC 现象都会发生
17. 色氨酸操纵子调节中, 色氨酸是作为 ( D )。
- A. 阻抑物      B. 衰减子      C. 活化物      D. 辅阻抑物      E. 操纵元件
14. 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性  
C. 在高温时成新的  $\sigma$  因子, 调节热激基因的表达  
D. 高温时, 已存在的聚合酶  $\sigma$  因子与启动子的结合能力增强

### 三、判断题

1. 下面哪些物质能够诱导乳糖操纵子？哪些是 $\beta$ -半乳糖苷酶的底物？

诱导物是 B、D，底物是 A

- A.  $\beta$ -1,4-半乳糖苷                      B.  $\alpha$ -1,4-半乳糖苷  
C.  $\beta$ -1,6-半乳糖苷                      D.  $\alpha$ -1,6-半乳糖苷

2. 下面哪些说法是正确的？（ B、E、F、H、J、N、O ）

- A. *lacA* 的突变体是半乳糖苷透性酶的缺陷  
B. 在非诱导的情况下，每个细胞大约有 4 分子的 $\beta$ -半乳糖苷酶  
C. 乳糖是一种安慰诱导物  
D. RNA 聚合酶同操纵基因结合  
E. 多顺反子 mRNA 是协同调节的原因  
F. Lac 阻抑物是一种由 4 个相同的亚基组成的四聚体  
G. 腺苷酸环化酶将 cAMP 降解成 AMP  
H. CAP 和 CRP 蛋白是相同的  
I. -35 和-10 序列对于 RNA 聚合酶识别启动子都是重要的  
J. 色氨酸的合成受基因表达、阻抑、衰减作用和反馈抑制的控制  
K. Trp 的引导 mRNA 能够同时形成三个“茎-环”结构  
L. 在转录终止子柄部的 A-T 碱基对可以增强结构的稳定性  
M. 真核生物和原核生物的转录和翻译都是耦联的  
N. 在色氨酸浓度的控制下，核糖体停泊在 Trp 引导区一串色氨酸密码子上，但并不与之脱离  
O. AraC 蛋白既可作为激活蛋白，又可作为阻抑蛋白起作用  
P. AraC 的表达不受调控

5. 诱导物与辅阻抑物都可引起阻抑蛋白分子的空间结构发生改变。（正确）

6. 色氨酸操纵子衰减调节需要色氨酰 tRNA-色氨酸的存在。（正确）

### 四、简答题

9. 正调控和负调控的主要不同是什么？

答：

正调控，调节基因的产物是基因活性的一种激活物；

负调控，调节基因的蛋白质产物是基因活性的一种阻遏物。

11. 为什么操纵区和启动子是反式隐性、顺式显性的，而编码阻抑蛋白的基因既是反式显性又是顺式显性。

答：

操纵区和启动子突变只影响顺式基因的表达（反式隐性），因为它们是调节序列，仅仅调节相同 DNA 上的相邻基因的表达；

阻遏物基因编码可以扩散的基因产物，因此既影响顺式又影响反式基因的表达。

16. 列举两种受调控蛋白控制的、与氨基酸的生物合成有关的操纵子。

答：

色氨酸、组氨酸、精氨酸操纵子

17. 什么是安慰诱导物？

答：

安慰诱导物是一种与天然诱导物相似的化合物。它们虽然能诱导操纵子表达，但不能被操纵子基因产生的酶分解。如异丙基硫代半乳糖苷（IPTG）。

18. 葡萄糖是如何影响涉及糖代谢的操纵子（葡萄糖敏感型操纵子）的表达？

答：

在缺少葡萄糖时，cCAM 的水平升高，CAP 蛋白同每一葡萄糖敏感型操纵子中启动子内的 CAP 结合位点结合，协同转录起始；如果有葡萄糖，cCAM 的水平下降，CAP 蛋白不能与启动子内的 CAP 结合位点结合，转录速度下降。

19. 在大多数细菌操纵子中，结构基因通常紧靠在一起并由单个操纵序列-启动子区调控，而在一些例子中结构基因分散在染色体上。请问这些基因是如何以简单的方式达到协同调节的？

答：

每个结构基因都有自身的启动子和通用的操纵区序列。

20. CAP 蛋白如何作为乳糖操纵子的正调节物起作用？

答：

CAP 即 cCAM 活化蛋白，结合 cCAM 的 CAP 可与乳糖操纵子的调节区结合，使 RNA 聚合酶对该 DNA 的转录增强。

## 五、问答题

1. 区别可诱导和可阻抑的基因调控。

答：（第三章 原核生物的转录及转录调控问答题 9）

2. 衰减作用如何调节 *E.coli* 中色氨酸操纵子的表达？

答：（第三章 原核生物的转录及转录调控问答题 10）

3. 简述互补实验怎样区别突变是发生在 *lac* 操纵子的结构基因上还是它的调控序列上？

答：（第三章 原核生物的转录及转录调控问答题 14）

4. 用含中性碳源（如甘油）的液体基本培养基培养 *E.coli* 不能诱导 *lacZ* 操纵子。1h 后在培养基中加入乳糖和再隔一段时间加入过量的葡萄糖分别会对 *lac* 操纵子的表达有什么影响？

答：（第三章 原核生物的转录及转录调控问答题 15）

55. 当 *lacZ* 或 *lacY* 突变体生长在含乳糖的培养基上时，*lac* 操纵子中剩余的基因没有被诱导，解释是何原因。

答：（第三章 原核生物的转录及转录调控问答题 16）

6. 蜜二糖是 *lac* 操纵子的弱诱导物，它通常在自己的透性酶作用下进入细胞。但如果细胞在 42℃ 下生长，透性酶失去活性，则蜜二糖只有在 *lacY* 透性酶存在的情况下才能进入细胞。这样，42℃ 下 *lacY* 和 *lacP* 的突变株不能在以蜜二糖为唯一碳源的培养基上生长。如何通过这种特性分离 *lac* 操纵子的组成型突变？

答：（第三章 原核生物的转录及转录调控问答题 17）

## 第 10 章 真核生物基因表达调控

### 一、填空题

1. 转录因子通常以 α 螺旋 结合于 DNA 上，并且大多数家庭的转录因子以 二聚体 形式起作用。
2. 锌指蛋白以一个含有 Cys-Cys-His-His 残基的氨基酸保守序列与锌结合。该转录因子家庭的成员大部分具有 多 锌指结构，它们通过锌指的 C 端形成 α 螺旋而与 DNA 相结合。
3. 类固醇受体通过 四 个保守的赖氨酸残基（Lys）与锌结合。
4. 锌指结构的 C 端部分与 DNA 结合而 N 端部分主要参与 二聚体 的形成。这种因子通常具有三个结构域：转录 活化区、DNA 结合区和 激素 结合区。
5. 同源异型蛋白有相同的形成三个 α 螺旋的 60 个氨基酸：其中 第三 螺旋在 大沟 处与 DNA 相结合。这一家族的转录因子在很多生物体的 发育 进程中起重要的调节作用。
6. HLH 蛋白是 DNA 结合结构域命名的。这些转录因子的螺旋-环-螺旋结构域与 二聚体化 有关。该结构域形成由一个环区隔开的两个 双亲 α 螺旋。这一家族的很多成员在与 DNA 结合的 HLH 结构域附近有一个 碱性 氨基酸区域，所以称为 bHLH 蛋白。bHLH 蛋白形成几种不



- A. 基因必须经过完全的甲基化才能表达
- B. 具有活性的 DNA 是非甲基化的**
- C. 随着发育的阶段的改变, DNA 的甲基化状态是变化的
- D. DNA 的复制过程中, 通过识别半甲基化的酶, 甲基化得以保存
7. 由于高度浓缩而造成转录沉默的 DNA 区的 C 碱基通常发生 ( **B** ) 修饰。
- A. 超氧化                      **B. 甲基化**                      C. 去磷酸化
- D. 磷酸化                      E. 整合
8. 酵母中, SIR 蛋白复合物与组蛋白 H3、H4 作用, 引起 ( **B** )。
- A. mRNA 折叠                      **B. 转录沉默**                      C. 转录活化
- D. 基本水平的转录                      E. 复制起始
9. ( **A** ) 用于描述个体基因的表达形式受到父母亲本遗传的影响。
- A. 遗传印记**    B. 精子发生
- C. 异二聚体化    D. 同二聚体化
- E. Gender 专一性的 RNA 固定化
10. 雌性果蝇的 Sxl 蛋白与 ( **C** ) 基因转录的 RNA 产物结合, 改变其剪接模式。
- A. *sax*                      B. *max*                      **C. *sxl***                      D. *myc*                      E. *SIR*
11. 发生于转录以及 RNA 剪接之后的核苷酸序列的改变, 称为 ( **D** )。
- A. RNA 修饰                      B. 翻译后修饰                      C. 甲基化
- D. RNA 编辑**                      E. 聚合酶突变
12. 以下哪项不属于翻译后修饰的机制? ( **B** )
- A. 遍在蛋白化                      B. 甲基化                      C. 磷酸化                      D. 去磷酸化
13. *sxl* 基因的隐性突变对于 XX 雌性果蝇个体是致死的, 因为 ( **A** )。
- A. *sxl* 的功能是作为一种雄性特异补偿基因的抑制因子**
- B. 隐性突变显示 *sxl* 活性的增加
- C. 这类突变是由于两条 X 染色体体缺失造成的
- D. *sxl* 是雄性特异基因转录所必需的
- E. 隐性突变通常是致死的
14. 锌指蛋白与锌的结合 ( **C** )





答:

母亲只会将基因 A 的遗传印记传递给子女, 而父亲不会将其 A 印记传给子女, 因此其儿子、女儿都只具有 A 印记。并且只有女儿的孩子具有 A 印记, 而儿子的后代不具有印记。

6. 甾醇类转录因子与锌指蛋白类转录因子的区别是什么?

答:

类固醇受体通过 Cys-Cys-Cys-Cys 模体与锌相结合, 而锌指蛋白使用 Cys-Cys-His-His 模体。

7. 许多转录因子是细胞原癌基因的产物, 为什么突变的转录因子可能导致癌变?

答:

突变的转录因子可能不正确的激活促使细胞分裂的基因。

8. 亮氨酸拉链蛋白所识别的 DNA 有何特点? 如何理解亮氨酸拉链转录因子的二聚体结构同识别位点的关系?

答:

亮氨酸拉链转录因子识别没有间隔的反向重复序列。亮氨酸拉链区将两个亚基连接在一起, 使相邻的碱性区域以相反的极性首尾相连。

9. 虽然同源异型蛋白与锌指蛋白差别很大, 但是它们识别 DNA 序列的结构元件相似, 这个元件是什么?

答:

同源框蛋白和亮氨酸拉链转录因子通过位于大沟中的  $\alpha$ -螺旋与 DNA 结合。

10. 转录因子可以与被核小体结合的 DNA 序列结合吗?

答:

一些能够结构核小体覆盖的 DNA, 一些不能。例如, TFIIIA 不能结合核小体覆盖的 DNA 而糖皮质激素受体则可以。

11. 有两个模型可以解释染色质中的基因是如何被转录的。优先模型 (preemptive model) 中, 转录因子和 RNA 聚合酶是如何与启动子结合的? 为什么在动态模型中需要 ATP?

答:

在优先模型中, 只有在 DNA 复制时转录因子与核小体才能相互代替。复制时转录因子能稳定地与 DNA 结合支持转录。

在动态模型中, 阻蛋白被一种能使转录因子与 DNA 相结合的 ATP 依赖型因子所代替。

12. 为什么酵母 *SWI* 与 *SNF* 基因的突变会影响不同靶基因的转录?

答:

SWI、SNF 来源于一个大的复合物，它们通过移动或者去除核小体重新“改造”染色质而使转录因子能激活多个基因。

13. 一般认为，染色体中具有多个调控基因表达的结构域。每个结构域中可以找到哪些功能位点，它们的作用如何？

答：

结构域之间以绝缘体为界，它把一个个的结构域分离开来。结构域可能包含一个 MAR（基质附着区域，matrix attachment region），它连接结构域与基质。最后，结构域也可能具有一个基因座控制区(locus control region, LCR)，该区域具有 DNase I 敏感位点，它作为整个结构域的增强子。

14. MyoD 是一种 bHLH 蛋白，对肌细胞的发育很重要，它的活性是如何被调控的？

答：

MyoD 是只在肌细胞中表达的 bHLH 蛋白。MyoD 很少形成同源二聚体，但它能通过与 bHLH 蛋白 E12 或 E47 形成不能与 DNA 结合的异源二聚体，由于 Id 夺去了 MyoD 形成异源聚体的 E12 和 E47 蛋白，从而阻止了 MyoD 的活性。

15. 真核生物中，基因的表达受不同水平的调控，请列举其中三种。

答：

基因结构的激活，3'端的形成，转录过程，mRNA 向细胞质运输。

16. 协同控制（coordinate control）下的基因是如何被同时激活的？

答：

协同控制下的基因在它们的启动子上都具有一个相同的反应元件。当正确的转录因子被激活时，所有具有这一反应元件的基因都被激活。

17. 列出调控转录因子被激活的 7 种途径，并各举一例。

答：

蛋白质的合成（同源异型区）、磷酸化作用（HSTF）、去磷酸化作用（Ap-1）、配体结合/核定位（类固醇受体）、活化因子的释放（甾醇）、与抑制剂脱离（NF- $\kappa$ B）。

## 五、问答题

1. 哺乳动物中，从母亲与父亲遗传而来的基因是差异表达的，这种现象的理论基础是什么？

答：

在精子或卵子发生过程中一些基因被关闭或者甲基化。IGF-II 在卵母细胞中被甲基化，因此遗传于母本的等位基因在后代中不表达。来源于父本的等位基因没有甲基化，客观存在能够表达。

其他一些基因只在精母细胞中被甲基化，对这种基因而言，来源于母本的等位基因能表达。

2. TFIIIA 是 5S rRNA 基因表达所需的转录因子。这个蛋白质含有 9 个锌指结构域，与 5S rRNA 基因内的一段序列和 5S rRNA 本身结合。

- (1) 如何定位 TFIIIA 蛋白的 DNA 结合位点？
- (2) 什么样的突变体可以确证锌指是 DNA 结合所需的？

答：

(1) 分离一个带有 5S 基因的限制性片段。将两个 5' 端用多核苷酸酶带上标记，将其中一个标记的末端用限制性内切核酸酶切割。用纯的 TFIIIA 结合于 DNA 上，然后用 DnaseI 处理，在胶上分析切割产物。蛋白质结合的位置就是 DNA 上没有被消化的区域。记住要有一个不加蛋白质的对照，并且要滴定 DnaseI 的浓度。

(2) 通过点突变确定哪些残基的突变会丧失锌结合能力。