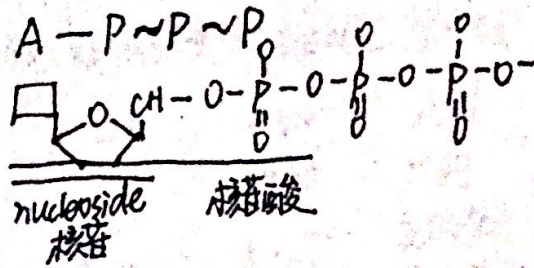
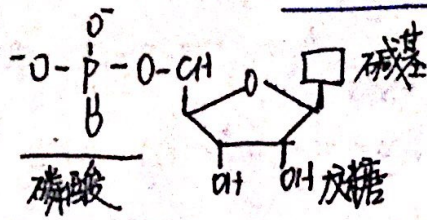
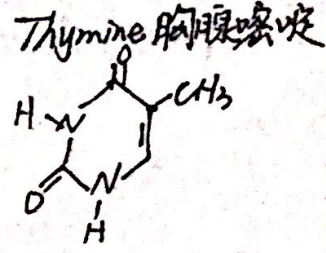
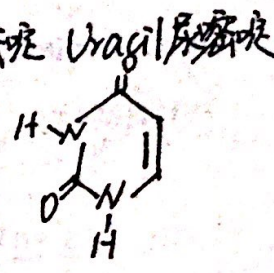
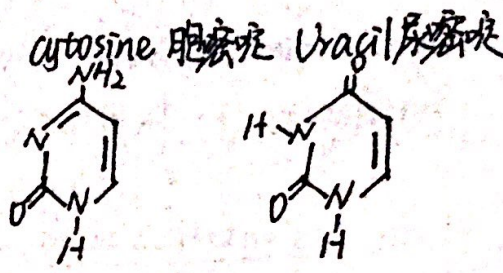
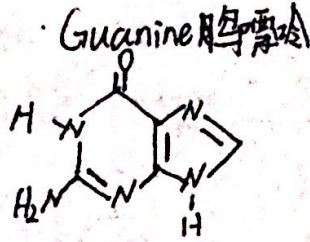
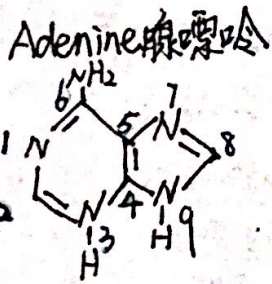


## 核苷酸： \_\_\_\_\_ 系 \_\_\_\_\_ 专业作业纸



### 一. 碱基:



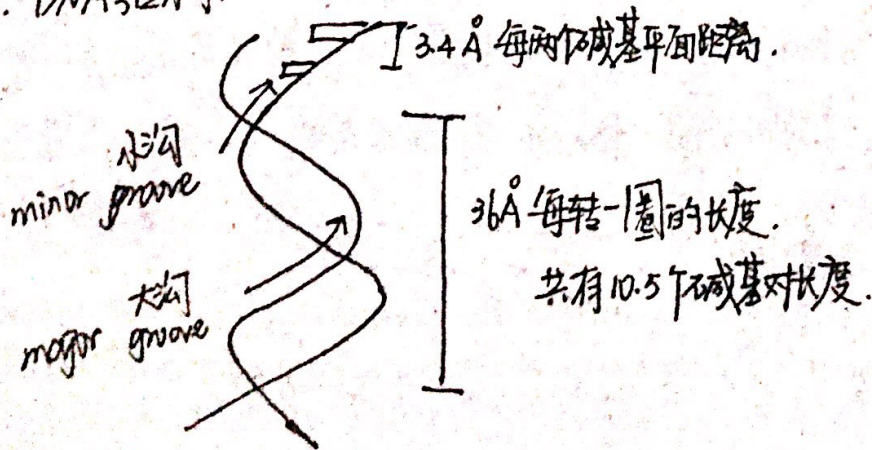
名词解释: 核苷酸. 欠旋 (underwinding DNA). 拓扑异构酶 (topoisomerase).

二. DNA和RNA的核苷酸. 简写 (deoxyadenylate) 核苷 (deoxyadenosine).

三. 碱基影响核酸三维结构 ① 芳香环 ② 互变异构 ③ 增色反应 (变性DNA) ④ 碱基堆积力 ⑤ 氢键.

四. Chargaff规则: 水解DNA发现碱基组成在特定物种中不同个体, 不同时期, 不同组织中相同. 且  $A\% = T\%$ .  $G\% = C\%$ .

### 五. DNA结构.



反向互补含碱基堆积力和氢键作用.

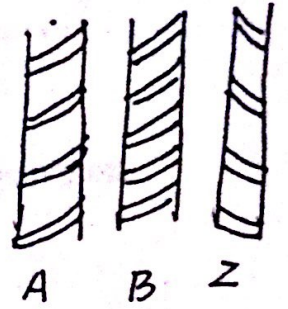
核苷酸中糖苷键会顺式 syn 和反式. 但在嘧啶中 C=O 和 CH<sub>2</sub>OH 相排斥. 只有反式的.



## 系 \_\_\_\_\_ 专业作业纸

☆ DNA的三种构型. ~~直径~~ 每圈碱基数 碱基倾度 碱基间距 糖苷键

构型	旋向	直径	每圈碱基数	碱基倾度	碱基间距	糖苷键
A-form	右手螺旋	~26Å	11	20°	2.6Å	反向
B-form	右手	~20Å	10.5	6°	3.4Å	反向
Z-form	左手	~18Å	12	70°	3.7Å	反向/顺式磷酸



II. 六. 1. 不正常的DNA结构: palindome, hairpin, cruciform, mirror repeat, triplex, tetraplex.

2. RNA二级结构: 很复杂. A-form. 有时G和U配对. (非沃克碱基配对).

七. DNA的超螺旋


$LK_0 = \frac{\text{碱基数}}{10.5}$   $LK$  实际  $LK$ .  $\sigma = \frac{\Delta LK (LK - LK_0)}{LK}$

高度超螺旋在电泳下跑得越快.  $LK$  越少.

八. 拓扑异构酶:

类型 I: 剪双链中的一条. 每次改变 1 的  $LK$ . 将断裂链绕断裂链.

类型 II: 切双链. 每次改变 2  $LK$ .

九. DNA形状: 螺旋管型 solenoid coil. plectonemic 

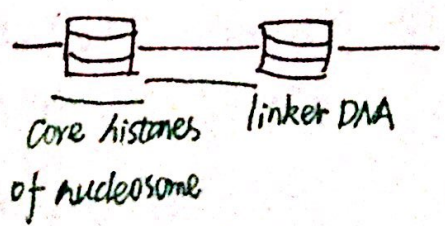
### 基因和染色体

名词解释: 基因. 染色体. 染色质. 同源染色体. 核小体.

1. 染色体结构基本要素: 1个着丝点. 2个端粒. 复制起点.

2. 染色体的结构: DNA和蛋白质(核小体) 染色体基本单元

① 核小体.



核小体 { 八聚体异源组蛋白 (H2A H2B H3 H4).  
200bp DNA (其中47bp绕组蛋白1.7圈)  
左手螺旋组成核微粒 (nucleosome core particle)





## 系 \_\_\_\_\_ 专业作业纸

②核小体进一步压缩组装成30nm纤维：核小体之间连接依靠组蛋白尾巴(H4)。H1结合在核小体上充当锁。

3. SMC蛋白维持染色体浓缩结构。 (structural maintenance of chromosome.)

cohesin: 绑定姐妹染色体通过和Kleisin形成一个环。

condensin: 压缩染色体产生超螺旋(正负)。使DNA overwound. 核小体使DNA underwound.

### DNA与RNA. (IV).

一. DNA和RNA的变性和复性 名词: 溶解温度. 突变.

1. 变性: 破坏氢键和碱基堆积力. 减少粘度 (增色反应吸收强度增强).

2. 复性: 减色反应.

3. DNA的热变性: 溶解温度 (转变过渡态中点) 取决于pH. 离子浓度(↓↓) DNA大小. 碱基组成. RNA双链比DNA更稳定. A- form. 每个圈28Å. 变性需要高于DNA 20°C.

### 二. DNA杂交技术. (分子杂交技术)

① southern blot 应用于指纹技术, DNA断裂移至琼脂糖凝胶电泳, NaOH使变性移至尼龙膜上用DNA探针 (与DNA单链互补) 洗脱X射线

② northern blot 用于RNA检测出来杂交体

③ colony hybridization 种群杂交, 鉴定细菌种群中特别的DNA片段

④ DNA微阵列: 有利于检测同时存在检测样品基因表达水平高低.

### 三. 三种限制性核酸内切酶.

酶I和酶III. 需ATP. 非位点切割. 甲基化敏感性

酶II. 不需ATP. 识别位点切割.

### 四. 非酶催化转变——突变.

脱嘌呤. 嘧啶; 去氨基化 (C→U); 嘧啶二聚体; 活性化A+G. (烷基试剂. 烷化试剂).





Oxidative damage 氧化损伤是突变最主要来源。

### 五. DNA 测序:

1. Maxam-Gilbert sequencing
2. Sanger sequence 原料 dNTP ddNTP, template, polymerase, primer,  $Mg^{++}$ .  
链终止法测序. 每加 ddATP 看终止点. 最后一款为 A.
3. DNA 测序自动化

### 六. 核苷酸的其他功能:

1. 提供化能能.  $(P)(P)(P)-A$
2. 腺苷核苷酸是许多辅酶因子的成分
3. 第二信使 cAMP cGMP
4.  $ppGpp$  产生回应恶劣状况处休眠状态. 抑制 rRNA 和 tRNA 合成.

### DNA 复制:

#### 一. DNA 复制基本特征:

- ① 半保留. ② 始于复制起点. 双向复制. ③ 5'-3' 复制. 半连续 (lagging) 复制.

名词解释: replication fork; Okazaki fragment; leading strand; lagging strand.

2. 高度准确性: ① 由 DNA pol 选择碱基. ② 3'-5' 外切酶活性 ③ DNA 修复错配系统.
3. 三种 DNA 复制模型: 全保留, 半保留 ( $N^{15}$  Meselson-Stahl 实验) 分散保留.

#### 二. DNA 复制机制:

1. 解旋酶: DnaB (Ecoli 中) 从 3'-3' 模板 lagging strand 上移动.
2. Gyrase (topoisomerase II) 减少 LK.
3. SSB 与 DNA 单链结合防止产生 hairpin.
4. DNA primase (合成一段 RNA 引物) 开始复制的引物.
5. DNA polymerase  $\star$  DNA 合成需  $Mg^{++}$  催化其活性

- ① 核酶  $\left\{ \begin{array}{l} \text{外切核酶酶: } 5'-3' \text{ 或 } 3'-5' \text{ 活性} \\ \text{内切核酶酶: 降解特定内部结构.} \end{array} \right.$   $\xrightarrow{3'-5'}$  外切酶节约能量 (还是整 AMP).



② polymerase { 聚合酶  
改正编译 (3'-5' 切除, 5'-3' 复制方向).

③ 大肠杆菌至少 5 种 pol. pol I 有 5'-3' exonuclease activity (引物, klenow fragment)  
pol III 是最重要的核酶.

④ 细菌 pol III 结构: DnaB (helicase) · Core.  $\beta$  clamp 环 (固定 polymerase).

6. DNA ligase: RNA 引物被 DNA 代替用 pol I 后用 ligase 把它们连在一起

过程: DNA 解旋酶解开双链, 可能会产生旋转超螺旋, 用 Gyrase 减少 LK.

由 SSB 保持单链防止 hairpin 产生. Primase 产生引物初始复制. polymerase

合成 DNA 互补模板. 结束后 pol I 去除 RNA 引物用 DNA 代替. DNA

ligase 再补平 nick.

II. DNA 复制步骤: 1. Initiation 2. elongation 3. termination.

名词解释: DNA 复制起点

一. 1. Initiation: DnaA 结合复制起点 R site 和 I site. 引入正螺旋使 DNA 变性. SSB 保持单链. DnaC 结合 ATP 帮助 DnaB 上去结合 DNA. Gyrase 释放压力.

Dam methylase 对 GATC 中 A 进行甲基化识别.

2. 特点: Initiation 是唯一能被调控的阶段, 只有 ATP 充足 DnaA 才结合 Origin.

每次细胞分裂只有一次复制. 新链开始未被甲基化. 只有新链 GATC 中 A 也被甲基化. 起点的 ATP 结合区域才恢复. 可新一轮复制.

二. Elongation: 需要 DnaB (helicase) DnaG (primase) DNA polymerase III.

滞后链的延长: primase 结合 helicase 合成新引物. clamp-loader 识别 primer 将 clamp 固定在模板引物上合成 Okazaki fragment. 核糖基和 clamp 被移动到新引物.

旧的  $\beta$  clamp 降解.

复制体 *replisome* 需要蛋白 SSB DnaB DnaG DNA pol I, III Gyrase ligase





### Termination:

Ter: 使复制叉陷入无法离开

Tus: 终止利用物质. 结合部位. terminal utilization <sup>ssb</sup>

一个复制叉只有 1 个 Ter-Tus. 两条链缠在一起用 topoisomerase II. 分开. (IV 是 II 的一种).

真核生物 DNA 复制 ① 包括多复制起点 ② S 期是细胞周期的一部分:

③ 调控由 cyclin 和 cyclin-dependent kinase 完成.

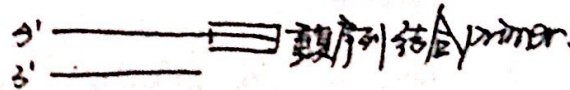
④ 复制起点有前复制复合物. ⑤ 磷酸化很重要.

⑥ 核小体在复制叉后完成组装. 真核复制叉移动比细菌慢 10 倍. 完全复制 8 人. 细菌 1 人. 每秒 1000 核苷酸.

2. 端粒酶. ① 细菌环状. 真核线性. ② 大 RNA-蛋白复合物. 补充端粒序列.

名词: 端粒酶.

③ RNA 约 150 nt. 包含 8 个 Cyt. ④ 作为模板对于 DNA 合成.



### DNA 修复.

一. 损伤修复 ① 去甲基化 ② 胞嘧啶/鸟嘌呤 ③ 二聚体 ④ 化学修饰

二. DNA 修复: 在新合成链上无甲基化.

① mismatch repair ② base-excision ③ nucleotide-excision ④ direct repair

① 错配修复: Mismatch repair complex binds to mismatched site, which needs ATP. Then MMRH has a site-specific endonuclease activity. It's inactive until the complex encounter a hemimethylated GATC sequence. MMRH cuts at the 5'-side of the G in the GATC sequence in the unmethylated strand, which marks the strand for repair. DNA helicase helps helicing. exonuclease VII and RecJ nuclease have 5'-3' exonuclease activity. I and X have 3'-5'. After cutting, DNA polymerase III and SSB help and DNA ligase help to bind together.





② Base-excision: damaged base is removed by DNA glycosylase, and cut at the AP site, then adding NTPs and deoxyribose phosphate, and ligase.

③ nucleotide-excision: excinuclease 有 5'-3' 和 3'-5' 两种.

④ direct repair: ① O<sup>6</sup>-methylguanine. ② Alkylated bases.

2. 细菌中—跨损伤修复 (error-prone translesion DNA). 过程.

3. 修复双链断裂两种方法 ①非同源末端连接 ②同源重组.

### 二. 基因重组:

①同源重组. 主要修复方式. ①过程: (减数) 分裂中的重组.

② 3种功能: 修复损伤; 短暂连接在染色体中促进有序分离或数分裂  
基因多样性.

概念: branch migration, holliday intermediate.

2. 所需蛋白质和酶 ① RecBCD. ② RecA ③ RuvA, RuvB ④ resolvase.  
RecFOR促进 RecX抑制 RecA.

3. DNA修复停滞复制叉 } translesion  
nick.

② 特定部位重组. } Tyr → 四股.  
Ser

酶: recombinase. 无中间态. 双链同时切断加入新成分. 精确完成. 同一个方向.

Ser } 在不同DNA 2'位点: intermolecule. 其中有环状则为插入.

同-DNA 2'位点: } 反向: inversion.  
同向: deletion. insertion.

③ 转座子: 名词: 转座. 转座子.

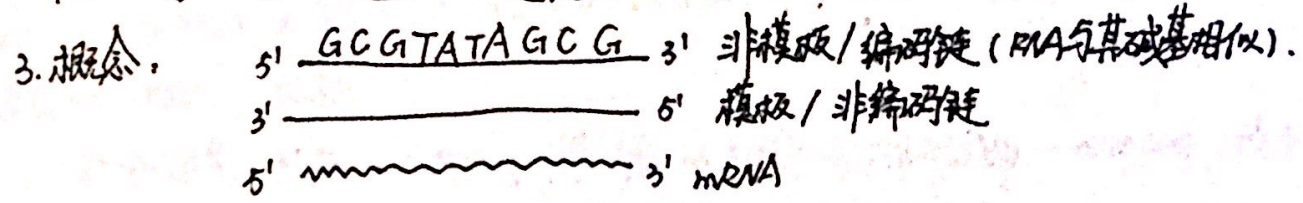
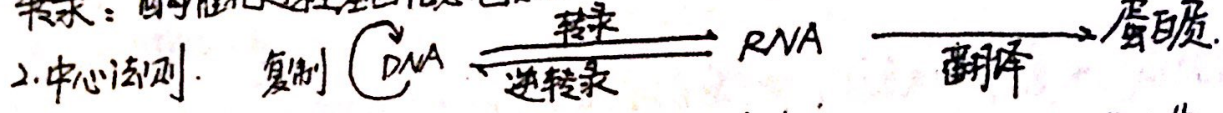




### 转录

一. RNA和DNA的不同. RNA分类: 主要RNA和其他RNA.

二. 转录: 酶催化过程基因信息包含在DNA的一条链指定在mRNA碱基的互补序列.



### 三. 原核生物中转录 (Ecoli).

(-). RNA聚合酶结合启动子  $\rightarrow$  起始 (initiation)  $\rightarrow$  延伸  $\rightarrow$  终止.

2. Ecoli的聚合酶: 只有一种 DNA-dependent 聚合酶.

由 $\sigma$ 核心亚基 +  $\sigma$ 亚基组成 ( $\sigma 70$ 最常见在Ecoli) 结合特定 promoter

3. 转录特点:
- ① 不需要引物初始合成. (RNA聚合酶)
  - ② RNA聚合酶缺乏 3'-5' 外切酶活性 (校对技能).
  - ③ RNA pol 错误:  $1/10^4 \sim 10^5$  DNA pol  $2/10^9$ .

4. 转录机制: NTP 攻击 被攻击由 3' 端 -OH.

5. 启动子的构造: 启动子是DNA中特定序列使RNA聚合酶全酶结合直接开始翻译的片段.

鉴定 promoter 方法: DNA 足迹 footprinting.

(2) 6. 转录的 initiation: 分为 binding 和 initiation.

缺乏 $\sigma$ 亚基  $\sigma$ 核心亚基会失去特定启动子. 碰上有 nick 的DNA模板就转录.

RNA聚合酶移动过程中会产生前端正超螺旋和后端负超螺旋. 用拓扑异构酶消除.

(3) 延伸: 由 $\sigma$ 亚基催化

(4) 终止:  $\left\{ \begin{array}{l} \text{不依赖 } \rho \text{ 终止因子: 终止位点是一个反向重复序列, 富GC, 形成稳定环.} \\ \text{依赖 } \rho \text{ 终止因子: CA富集在 } \rho \text{ 蛋白中可结合. } \rho \text{-解旋酶结合 } \rho \text{ 部位. 消耗ATP移除mRNA} \end{array} \right.$

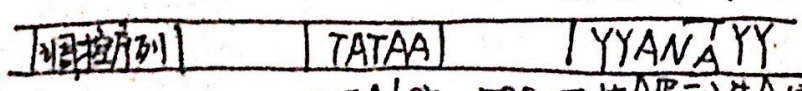
Hot site: CA富集的. 可使 $\rho$ 蛋白结合的部位. 移走mRNA最末端

### 四. 真核中的转录.

1. 三种RNA聚合酶.

Inr初始序列: Pol II 结合和转录起始位点.

2. 启动子.



TATA box TBP (TA结合蛋白) 结合位点. 预初始复合物. 汇集点.







3. pol II 需要许多蛋白质促进活性。

(二) RNA 链转录启动: ① DNA 松散由 TFIIH 的解旋活性产生开口 ② carboxyl 羧基末端结构域是 pol II 最大的亚基被磷酸化. 聚合酶离开启动子开始转录. ③ 延伸伴随着转录因子的释放 同样被延伸因子促进

(三) 延伸、终止和释放: 延伸因子结合 pol II, 促进聚合酶活性. 结束延伸即终止. pol II 解磷酸 重循环. 开始另一个转录.

4. mRNA 处理过程: 转录 → 5'capping-内含子 → 初期转录编码末端 → 3'capping-内含子 → poly A tail

1. 5'cap 作用: ① 保护 mRNA ② 把 mRNA 运出核 ③ 适当拼接前 mRNA (pre-mRNA)

5'cap 的合成由系在 carboxyl-terminal domain 的酶完成. 通过 cap-binding complex (CBC) 连接 CTD.

2. 开成 poly A 终止转录: CTF, Csf, Cfs 蛋白.

3. cDNA: 由逆转录和 DNA 聚合酶催化以 RNA 为模板合成的 DNA.

4. 四种类型的内含子:

① Group I and II: 自我切割. 不需蛋白酶和能量 I 3'OH 攻击 5'切位 II 形成套索.

② spliceosome intron 最多内含子. 需要切割体 (蛋白质复制体) 切割处理.

③ 第四类内含子: 需要 ATP 和核酸内切酶. 酶切内含子两端二磷酸链. 外显子连接.

转录和切割相协调.

5. 真核转录过程.

转录. 5'capping → 切割. 加外腺嘌呤去内含子 → 成熟 mRNA.

6. 可变剪切: 通过不同 RNA 处理过程产生多种产物

7. mRNA 的降解: 由核酶 (ribonuclease) 降解: ① Ecoli 中先由核酸内切酶切割, 后来由核酸外切酶 3' → 5' 降解; ② 低等真核生物, 先缩短 poly A, 降解 capping 从 5' → 3' 方向降解 mRNA, 但 3' → 5' 也存在. 是更主要途径在更高等的生物.

8. exosome: 由 10 个 3' → 5' 核酸外切酶的复合物组成. 负责 rRNA, tRNA 的 3' end 处理 mRNA 降解.



### 基因表达调控

一. 在蛋白质水平的调控, ① 转录 ② 转录后修饰 ③ mRNA降解 ④ 蛋白质合成(翻译)  
⑤ 翻译后修饰 ⑥ 蛋白质标记和运输 ⑦ 蛋白质降解.

二. 基因调控的准则: ① DNA聚合酶结合DNA通过启动子. ② 转录初始由结合或接近启动子的蛋白质调控 ③ 调控蛋白质有不连续的DNA结合结构域 (Zinc finger)  
④ 蛋白质结合结构域 (Leucine zipper).

调节结构域: helix-turn-helix: 包含20个氨基酸在2个 $\alpha$ -helix. 每个 $\alpha$ -helix 7-9.

Zinc finger:  $Zn^{2+}$ 和4个Cys (或2个Cys 2个His) 形成延伸环结合DNA.

homeodomain: 决定部位存在的地方. 序列是 homeobox.

Leucine zipper: Leu 每隔7个位置. 结DNA. protein

Basic helix-Loop-helix: 可结合DNA和protein.

### 二. 基因表达的调控

1. 组成型基因, 管家基因: 所有细胞中均稳定表达的基因.

被调控的基因表达: 回应细胞信号改变基因水平的表达.

2. 操纵基因: 和调控基因蛋白结合控制基因表达的DNA区域.

3. 操纵子: 原核基因组中, 包含 promoter 和多个序列调控基因表达. 还有 operator.

基因调控准则: ① 聚合酶结合启动子: 利用 $\sigma$ 识别启动子

② 转录初始的调控: 蛋白 i specificity factor ii repressor iii activator.

负调控和正调控. (负是抑制因子和信号分子结合或分离DNA).

例: 乳糖操纵子. inducer: 信号分子结合调控蛋白使表达产生.

Allolactose: 乳糖操纵子的信号分子.

IPTG: 实验室中的 inducer.

四种情况下的基因表达:

Glucose	cAMP	lactose	
↑	↓	x	no expression
↓	↑	x	no
↑	↓	✓	low
↓	↑	✓	high.





## 系 \_\_\_\_\_ 专业作业纸

top 操纵子的转录中断: top高. 转录子翻译到2时. 3和4形成 terminal-like attenuator.

top低. 核糖体停在1. 2和3形成 hairpin. 转录继续.

4. 翻译反馈在核蛋白操纵子中. 糖林

① Ecol中应急严重反应: 氨基酸缺乏 → 结合RecA到核糖体 → 催化形成 ppGpp.

② SOS error-prone translesion DNA synthesis.

5. 真核与原核转录初始调控不同之处.

细菌: 转录无限制. RNA聚合酶在缺乏 activator 和 repressor 时可以处理启动子.

初始转录

真核: 有限制性. RNA pol 不能结合启动子缺乏转录因子时; 染色质的存在有限制结合启动子.

转录和翻译时间空间上分开; 激活因子蛋白在转录初始越复杂越蛋白质多.

### 三. 染色体结构与基因调控.

1. 异染色质: 高度浓缩. 转录不积极. 占10%.

常染色质 (euchromatin); 90%. 转录活性高.

2. 核小体: 紧密基因材料. 提供信息影响核功能 (DNA复制. 修复...).

3. 染色质 remodeling 重塑.

① 组蛋白乙酰化 → 减少核小体与DNA亲和力. 准备于转录; 反之则为去乙酰化.

② 染色质动态修饰: N端翻译后修饰: lysine 甲基化. Ser 磷酸化. 乙酰化.

4. 表观遗传, 不可遗传影响在基因活性又不影响DNA序列.

### 四. 真核生物转录初始调控.

1. 结合RNA需要的五种蛋白质: ① 转录激活因子 activator ② architectural regulation.

③ 染色质修饰和重塑蛋白 ④ 辅激活因子 ⑤ 基本转录因素. 抑制剂.

### 五. 真核 mRNA 翻译体调控.

1. 四种机制: ① 转录初始因素磷酸化 ② 直接抑制结合 mRNA ③ eIF4E eIF4G 结合打断 ④ siRNA. microRNA 调控表达. 成双链.





蛋白质合成：合成位点在核糖体与内质网。

1. Paul Zamecnik:  $^{14}C$  amino acid 发现 tRNA 与氨基酸连接。
2. Crick 的 adaptor 猜想条件：可结合蛋白质和核酸，可读取基因密码从模板方向。至少20种。
3. 密码子：不重叠翻译。start AUG end UAA UAG UGA。  
读框方式：分裂DNA或RNA成三个密码子翻译成氨基酸的方式。  
开放读框方式：从AUG到终止密码子前不包括终止密码子的DNA序列。
4. 基因编码特性：① 5' → 3' ② 一个密码子对应一个氨基酸。一氨基酸有多个同义密码子。  
(基因三碱基的简并性，减少基因突变性)。

反密码子：tRNA上与密码子相对应的三碱基序列。

5. Wobble 猜想：tRNA和mRNA结合，第三个碱基不严格配对。

6. 蛋白质合成五个阶段：

① 氨基酸激活：由 aminoacyl-tRNA synthetase 催化。每个酶特定一个氨基酸可多个tRNA。酶有校正功能。不正确的 aminoacyl-AMP 结合会被水解。

② 起始：核糖体组装。

原核	70S	$\left\{ \begin{array}{l} 50S \left\{ \begin{array}{l} 5S \text{ rRNA} \\ 23S \text{ rRNA} \\ 36 \text{ 蛋白} \end{array} \right. \\ 30S \left\{ \begin{array}{l} 16S \text{ rRNA} \\ 21 \text{ 蛋白} \end{array} \right. \end{array} \right.$	80S	$\left\{ \begin{array}{l} 60S \left\{ \begin{array}{l} 5S \text{ rRNA} \\ 28S \text{ rRNA} \\ 49 \text{ 蛋白} \end{array} \right. \\ 40S \left\{ \begin{array}{l} 18S \text{ rRNA} \\ 33 \text{ 蛋白} \end{array} \right. \end{array} \right.$
----	-----	--	-----	--

从N端氨基酸合成到C端①启动AUG编码Met。细菌中是fMet。有tRNA<sup>fMet</sup>识别。真核以initiator Met识别。②细菌有SD序列决定AUG。真核eIF4F扫描AUG。

细菌起始。IF-1结合A site。IF-3结合E site。防止tRNA和大亚基组装。GTP-IF2结合置换tRNA<sup>fMet</sup>。GTP水解释放IF 1 2 3。

真核起始：eIF1结合E。eIF1A结合A。eIF3结合P。结合GTP-eIF2。使tRNA置换。加eIF5 eIF5B。eIF4F。eIF4F扫描AUG。释放因子结合60S成80S。

③延伸。第2个tRNA结合A位点。氨基作为亲核攻击取代前一个tRNA。tRNA留在P位上。EF-G结合A。把带氨基的tRNA前挪。





## 系 \_\_\_\_\_ 专业作业纸

④ 终止: 识别因子识别终止密码子. 多肽-tRNA键水解. 两个释放. 核糖体解体.

⑤ 折叠、修饰: 修饰类型: N.C端修饰. 糖基化修饰. 信号肽丢弃.

修饰功能: 调节活性; 蛋白之间相互反应; 靶信号到特定位置  
老化蛋白的降解.

信号肽: 蛋白质中短氨基酸序列指导蛋白质去目的地.

nucleotide: are formed from the combination of a sugar with a phosphate group at the 5' position and a heterocyclic base at the 1' position.

palindrome: region of DNA with inverted repeats. self-complementary within each strand, and able to form hairpin or cruciform.

underwinding: DNA has fewer helical turns than B-form structure. makes separation of DNA strand easier. In a underwound state can facilitate coiling form supercoil.

topoisomerase: catalyze changes in the linking number of DNA.

supercoiled DNA. DNA tend to be extended to narrow rather than compacted often with multiple branches. right-handed in a negative supercoil. plectonemic and solenoidal supercoiling.

topoisomer: DNA that differ only in linking numbers.

gene: all the DNA encoding primary structures of final product, which can be either a polypeptide or a RNA with a structural or catalyzing function.

chromosome: consist of a single, enormously long linear DNA molecule along with proteins that fold and pack the fine DNA thread into a more compact structure

chromatin. the complex of DNA and tightly bound protein.



## 系 \_\_\_\_\_ 专业作业纸

homologous chromosome: each cell except gametes and a few highly specialized cells, has two copies of each chromosome.

cohesins: link together sister chromatids immediately after replication. Complex with kleisin to form a ring around the replicated chromosome.

condensin: essential to condensation of chromosomes as cell enter mitosis. Create positive supercoil. cause DNA to overwound.

nucleosome: fundamental unit of organization in the chromatin of eukaryotic cell.

denaturation: disruption of hydrogen bonds and base stacking. decrease viscosity and have hyperchromic effect.

renaturation (annealing): put two separated single strands into together to form double-helical structure.

Melting point ( $T_m$ ): the temperature at the mid-point of the transition. depend on pH, ionic strength, size and base of composition DNA. RNA duplex are stable than DNA duplex.

mutation: alternation in DNA structures that produces permanent changes in the genetic information encoded therein. like deamination, depurination, depyrimidination, dimer, reactive chemical and so on.

SSB protein: bind tightly and cooperatively to exposed single-strand DNA without covering the base, which remain available as template and avoid the formation of hairpin or ~~cross~~

replication origin: the position at which DNA helix is open. contain short sequence that attract initiator proteins and stretches of DNA and easy to open. typically rich in A-T.

refractory period: after replication is initiated, the initiator protein is inactive by   
 不活跃期. hydrolysis of its bound ATP molecule.





## \_\_\_\_\_系\_\_\_\_\_专业作业纸

autonomously replicating sequences (ARS)/replicators: replication region in yeast.

telomerase: enzyme to replenish telomere sequence each time a cell division.  
 a large protein-RNA complex.

AP site: apyriminic or apyrimidinic site or abasic site.

transposition: a recombination that allows movement of transposable element (transposon)  
 doesn't need DNA sequence homology.

transcription: enzymatic process whereby the genetic information contained in one strand  
 of DNA is used to specify a complementary sequence of base in a mRNA.

promoter: specific sequences in the DNA that the RNA polymerase holoenzyme can  
 bind and direct the transcription of adjacent segments of DNA (genes).

U<sub>12</sub> (U<sub>12</sub> utilization) site: a CA-rich sequence that protein can associate with

TATA box: the major assembly point for protein of the preinitiation complex of Pol II  
 (TATA-binding protein)

Initiator sequence (Inr) Pol II binding site and sequence transcription start site is  
 usually within or very near the sequence.

cDNA: DNA synthesized from a messenger RNA template in a reaction catalyzed  
 by enzyme reverse transcriptase and polymerase.

alternative splicing: a gene can give rise to multiple products by different RNA  
 processing

exosome: all eukaryote have complex of up to 10 conserved 3'→5' exonuclease.

外切酶 RNA process 3' end of rRNA and tRNA and degradation of mRNAs

homeodomain: found in homeotic genes that determine which part of body form what  
 body part. homeobox is DNA sequence encoding homeodomain.





## 系 \_\_\_\_\_ 专业作业纸

- regulated gene expression: other genes whose level change in response to cell signal.
- operator: a region of DNA that interacts with a regulatory protein to control a expression of a gene or group of genes.
- Operon: in prokaryotes, a cluster of related genes with a promoter plus addition sequences that function together in regulation of gene expression. form a single transcript. (polycistronic mRNA). single promoter and operator can regulate expression of all genes in the cluster.
- inducer: a signal molecule that, when bound to a regulatory protein, produce an increase in the expression of a given gene.
- transcription attenuation 衰减: transcription is initiated normally but abruptly ~~halted~~ halted 停止 before operon genes are transcribed.
- epigenetics: be defined as any inheritable influence on gene activity that doesn't involve a change in DNA sequence
- Dicer: cleaves double-stranded RNA and pre-miRNA into short double-stranded miRNA about 20-25 nucleotides long, usually with a two-base overhang on the 3' end.
- translation: process in which the genetic information present in the mRNA molecule specifies the sequence of amino acids during protein synthesis.
- codon: the set of triplet nucleotides in mRNA (or DNA) coding for amino acid of protein.
- reading frame: the way of breaking a sequence of nucleotides in DNA or RNA into three letter codons which can be translated into amino acid sequence.
- open reading frame: a sequence that doesn't contain a stop codon in a given reading frame
- synonymous codon: codons coding for the same amino acid.





厦 门 大 学



\_\_\_\_\_系\_\_\_\_\_专业作业纸

third-base degeneracy: codons representing same amino acid or chemically similar amino acids tend to be similar to in sequence. the third base in a codon is irrelevant. known as third-base degeneracy.

anticodon: three-base sequence on the tRNA for pairing with mRNA.

ribosome: a ribozyme in which rRNAs form the structural core.

polysome: a cluster 10 to 100 of ribosomes on a single molecule of mRNA simultaneously synthesize proteins that allows the highly efficient use of mRNA in both eukaryotic and bacterial cells.

signal sequence: a short sequence of amino acid in a protein that directs the protein to final cellular destination.

linking number is the sum of twist and writhe number

