

基础分子生物学考试样题

(答案)

一、 名词解释(每题 3 分, 共计 12 分):

1. C 值和 C 值反常现象
C 值是一种生物单倍体基因组 DNA 的总量。
真核细胞基因组的最大特点是它含有大量的重复序列, 而且功能 DNA 序列大多被不编码蛋白的 DNA 所隔开。这就是 C 值反常现象
2. DNA 的转座
是由可移位因子介导的遗传物质重排现象。
根据转座作用机制的不同, 可分为复制性转座和非复制性转座。
3. 基因工程
是指在体外将核酸分子插入到病毒、质粒或是其它载体分子, 构成遗传物质的新组合, 使之进入原先没有这类分子的寄主细胞中。进行持续稳定的繁殖和表达。
4. 分子克隆的载体 (vector)
具有自主复制能力的 DNA 分子。

二、判断对错, 为什么? (每题 3 分, 共计 6 分):

1. 在研究 mRNA 所包含的功能基因信息时, 一般将其反转录成的 cDNA, 再插入到可以自我复制的载体中。
这种说法是正确的。
由于 mRNA 十分敏感和脆弱, 在自然状态下难以被扩增, 故将其反转录成结构稳定的双链 DNA 就是 cDNA, 然后再插入到可以自我复制的载体中。构建 cDNA 文库。
2. 一个生物体内能产生百万种以上的 Ig 分子, 是源自于相应数目的基因。
这种说法是不正确的。
生物体内能产生百万种以上的 Ig 分子, 是由于组成 Ig 分子的重链和轻链的基因片段发生重排的结果。

三、填空 (每空 0.5 分, 共计 20 分)

1. 核小体 是染色质的基本结构单位, 由 200 bp DNA 和 组蛋白八聚体 组成。DNA 在中期染色体中压缩 10, 000 倍。
2. 蛋白质合成时 UAA、UGA 和 UAG 三个暗码通常不代表任何氨基酸, 它们代表 终止密码子。
3. 大肠杆菌释放因子 1 (RF1) 识别 UAG 与 UAA。
4. 在大肠杆菌中, 许多蛋白质的降解是通过一个 依赖于 ATP 的蛋白酶 (con) 来实现的。真核蛋白的降解依赖于一个只有 76 个氨基酸残基、其序列高度保守的 泛素。
5. PCR 技术是体外快速扩增特定基因或 DNA 序列最常用的方法。整个反应包括 DNA 解链(变性)、引物与模板结合(退火)、DNA 合成(延伸) 三步, 此三步可以被不断重复。经多次循环之后, 反应混合物中所含有的双链 DNA 分子数, 理论上的最高值应是 2^n 。
6. SNP (单核苷酸多态性) 指基因组 DNA 序列中由于单个核苷酸 (A, T, C 和 G) 的突变而引起的多态性。
7. 基因敲除 又称 基因打靶, 该技术通过外源 DNA 与染色体 DNA 之间的同源重组, 进行精确

的定点修饰和基因改造，具有专一性强、染色体 DNA 可与目的片段共同稳定遗传等特点。

8. RACE 是一项在已知 cDNA 序列的基础上克隆 5' 端或 3' 端缺失序列的技术。

9. 利用 cDNA 差式分析法 和 基因芯片 技术可以分析不同生物组织或细胞之间基因表达的差异。

10. 酵母单杂交体系 (yeast one-hybrid system), 常用于研究 DNA 与蛋白质 之间的相互作用, 而酵母双杂交系统用于研究 蛋白质与蛋白质 之间的相互作用。

11. SAGE 是一种以测序为基础定量分析全基因组表达模式的技术, 能够直接读出任何一种类型细胞或组织的基因表达信息。

12. 原位杂交 是用标记的核酸探针, 经放射自显影或非放射检测体系, 在组织、细胞、间期核及染色体上对核酸进行定位和相对定量研究的一种手段。

13. 定点突变 通过改变基因特定位点核苷酸序列来改变所编码的氨基酸序列。

14. RNA 干涉 技术利用双链小 RNA 高效、特异性降解细胞内同源 mRNA, 从而阻断体内靶基因表达, 使细胞出现靶基因缺失的表型。

15. 蛋白质组学研究某一物种、个体、器官、组织或细胞在特定条件、特定时间所表达的全部蛋白质图谱。通常采用 双向电泳 方法将蛋白质分离, 然后采用 质谱 技术进行鉴定。

16. 凝胶阻滞试验是体外分析 DNA 与蛋白质 相互作用的一种特殊的凝胶电泳技术。

17. 研究蛋白质相互作用可以采用 酵母双杂交、免疫共沉淀、噬菌体展示 等方法。

18 细菌的转化频率是指每 微 克 DNA 转化菌落数。

19. 果蝇胚胎、幼虫和成虫的前后极性均源于卵子期发生的极性。形态发生决定基因参与调控胚胎前一后轴形成, 形态发生决定基因表达以后, 依次激活 间隙, 成对规则, 体节极化 基因表达。这些基因的产物能调节 同源域 基因表达, 最终决定每个体节的命运。

20. 在对拟南芥和金鱼草突变体及花器官特征决定基因功能的研究中, E·Myerowitz 提出了控制花形态发生的 "ABC" 模型。正常花的四轮结构的形成是由 ABC 三组基因 共同作用而完成的, 每一轮花器官特征的决定分别依赖于三组基因中的一组或两组基因的正常表达, 如其中任何一组或更多的基因发生突变而丧失功能, 则花的形态将发生异常。

四、多项选择题 (在被选择的条款上画圈, 答对得分, 答错扣分, 每个正确选择得 1 分, 共 37 分)

1、决定编码蛋白质序列的遗传信息 [A、C]

- A、存在于单链 DNA 序列上;
- B、存在于双链 DNA 序列上;
- C、其表达需要 DNA 双链解旋;
- D、其表达需要 DNA 的高级构象;
- E、其表达不需要反式作用因子;

2、用特定的限制性内切酶解双链 DNA 产生 DNA 片段长度的分析适合构建物理图谱, 因为: [C]

- A、哪怕只用一种限制酶, DNA 线性化也容许直接确定限制性片段长度;
- B、内切酶在等距离位点切割 DNA, 产生机体特异性的片段长度;
- C、双酶切产生的重叠片段可以明确制作物理图谱。

3、限制性片段长度多态性 (RFLP) 是: [A、C]

- A、用于遗传指纹图谱的技术;
- B、两个等位基因之间限制图谱的差别;
- C、同一个种的两个个体之间限制图谱的差别;
- D、两个种的两个个体之间限制图谱的差别;
- E、单倍体的两种不同的限制图谱的差别。

- 4、真核基因常常断裂，这；[B、D]
- A、反映了真核 mRNA 是多顺反子的事实；
 - B、表明编码的外显子被非编码的内含子隔开；
 - C、提示真核 DNA 是线性的，并分散在各个染色体中。因此基因可能一部分在一条染色体上，而另一部分在另一条染色体上；
 - D、意味着初始转录子必须先加工后才能被翻译为蛋白质；
- 5、下列哪些叙述是正确的：[A、C]
- A、外显子在基因组和 cDNA 中顺序相同；
 - B、内含子通常被翻译；
 - C、人体中的所有细胞含有相同的一套基因；
 - D、人体中的所有细胞表达相同的一套基因；
 - E、人体中的所有细胞均按相同的方式拼接每个基因的 RNA。
- 6、报道基因：[A、C]
- A、是用一个易于测定的编码区替换目的基因的编码区；
 - B、是以一个易于测定的启动子区替换目的基因的启动子区；
 - C、可用于测定启动子活性；
 - D、不可用于测定启动子何时，何处被激活；
 - E、用于检测蛋白活性；
 - F、用于检测细胞活性。
- 7、基因组文库中的克隆片段，[A]
- A、包括了所有的基因信息；
 - B、只包括了表达基因的信息；
 - C、不带有内含子序列。
- 8、基因打靶的作用可使，[A]
- A、一个特定基因被敲除；
 - B、任意基因被去除；
 - C、任意基因被取代。
- 9、细胞与组织的特异性取决于：[A、C]
- A、特异的转录因子；
 - B、特异的 DNA 序列；
 - C、特异的基因的表达；
 - D、染色质的状态；
 - E、组蛋白与 DNA 的相互作用。
- 10、DNA 分子多态性，[B、D]
- A、一般只有两种等位形式；
 - B、可以是多种等位形式；
 - C、可以由微卫星产生；
 - D、可以指 SNP。

- 11、 顺反子， [A]
- A、 是指一个开放阅读框的遗传功能单位；
 - B、 在原核生物中， 它不等同于基因；
 - C、 在真核生物中， 它一般等同于基因；
 - D、 指一个基因的全部序列。
- 12、 增强子： [A、 D]
- A、 存在于启动子上游或下游；
 - B、 存在于启动子附近；
 - C、 不存在于远离启动子的区域；
 - D、 但可以在启动子的反方向。
- 13、 每个转录因子结合位点仅被一个转录因子识别。 [B]
- A、 对
 - B、 错
- 14、 下列关于转录因子的叙述哪些是正确的： [B、 D]
- A、 它们有独立的结合 DNA 区和转录激活区， 两个区域不能独自发挥作用；
 - B、 它们一般都具有二聚化和多聚区域；
 - C、 Fos/Jun 与 Jun/Jun 结合的 DNA 序列不同；
 - D、 Fos/Jun 比 Jun/Jun 结合 DNA 更紧密。
- 15、 受体酪氨酸激酶： [A、 E]
- A、 有一个胞质激酶区；
 - B、 其配体一般是甾类物质；
 - C、 配体结合后不发生二聚化；
 - D、 配体结合胞质区使受体构型发生改变；
 - E、 能够发生自磷酸化而激活。
- 16、 凝胶阻滞法， [B、 C]
- A、 用于研究蛋白质-蛋白质相互作用的方法；
 - B、 用于研究蛋白质-DNA 相互作用的方法；
 - C、 其原理是根据复合物大小的改变而发生的电泳速度改变；
 - D、 其原理是根据复合物的结构改变而发生的电泳速度改变
- 17、 甾类受体转录因子， [C]
- A、 都结合于同一激素；
 - B、 不以特异性序列模式结合 DNA
 - C、 有不同的区域分别用于激活转录， 结合 DNA 和激素。
- 18、 细胞凋亡， [A、 D]
- A、 是特定细胞的程序性死亡；
 - B、 当 Fas 或 TNF 的受体结合了它们的配体后能被诱导；
 - C、 不出现有规则的 DNA 断裂；
 - D、 一般引起 caspase 的级联反应。
- 19、 下列哪些关于 ras 说法是正确的； [B、 C、 D]

- A、 ras 蛋白直接结合到胞外配体上；
- B、 基因常发生突变，突变能在 V-ras 或 C-ras 发生；
- C、 基因突变可能在结构上活化 Ras，从而不水解 GTP；
- D、 有时可能通过野生型 Ras 蛋白的过量表达而引起肿瘤发生；
- E、 不能介导信号通路。

20、 p53 基因， [A、 B、 D、 E]

- A、 是一个抑癌基因；
- B、 编码一个转录因子；
- C、 一般不发生突变；
- D、 参与细胞周期的调控。
- E、 其表达产物功能可以被某些病毒蛋白抑制

五、问答题（共计 25 分）

1. 老师在课堂上说，Morgan 的连锁遗传规律与孟德尔的遗传性状独立分离规律是背道而驰的。你能用现代分子生物学的理论解释这一现象吗？（4 分）

当所研究的两个基因分别位于不同的染色体上时，杂交后代按照独立分离规律分离；当所研究的基因位于同一染色体上而且距离较近时，杂交后代的分离符合连锁遗传规律；而当所研究的基因位于同一染色体上而且距离较远时，杂交后代的分离可能介于独立分离规律和连锁遗传规律之间，就是连锁互换规律。

2. 解释在 DNA 复制过程中，后随链是怎样合成的。（4 分）

因为 DNA 聚合酶只能从 5' 到 3' 方向合成 DNA，后随链不能象先导链那样总是朝着同一方向合成。后随链是以大量的独立的片段的形式（冈崎片段）合成的。每个片段都是按照 5' 到 3' 方向合成的。这些片段最后连在一起形成一条连续的多核苷酸链。每个片段都是独立地被引发、聚合和连接。

3. 解释什么是“套索结构”，在内含子套索中的磷酸二酯键有什么特别之处？（5 分）

当 RNA 分子的一端自身回折成环并与其自身的核苷酸形成共价结合时，便形成了一个套索结构。在内含子的套索结构中的磷酸二酯键很少见。因为它是由核苷酸的 5' 和 2' 上的碳原子连接起来的。而磷酸二酯键通常是靠相邻的两个核苷酸的 5' 和 3' 的碳原子连接起来的。

4. 列表说明原核生物与真核生物转录的差异。（7 分）

原核生物和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. 多种 RNA 聚合酶。
2. 不同启动子间有相当大的同源性。	2. 各种不同启动子间的差异很大。
3. 聚合酶直接同启动子结合。	3. 聚合酶通过同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 Us 前面形成颈环。	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的。
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个基因。	7. 转录单位只含有一个基因。

5. 简述真核与原核细胞中翻译起始的主要区别。（5 分）

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 起始密码子上游区结合的能力。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' 末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 帽上。一旦结合，SIC 开始向 mRNA 下游区搜索，直到找到第一个 AUG 密码子。