

第十六章

基因表达调控 (Regulation of Gene Expression)



作者：李慧 张晓伟



单位：北京大学医学部



人民卫生出版社
PEOPLE'S MEDICAL PUBLISHING HOUSE

目录

第一节 基因表达调控的基本概念与特点

第二节 原核基因表达调控

第三节 真核基因表达调控



重点难点

掌握

1. 基因表达调控的基本概念和特点
2. 原核基因表达调控的特点
3. 真核基因表达调控的特点

熟悉

1. 操纵子的结构特点
2. 乳糖操纵子的作用机制
3. 色氨酸操纵子的作用机制
4. 真核细胞染色质结构与真核基因表达的关系
5. 真核基因转录起始及转录后的调节

了解

1. 小分子RNA对真核基因表达的调节
2. 长链非编码RNA对真核基因表达的调节





第一节

基因表达调控的基本概念与特点

(Basic Concepts and Features of the Regulation of Gene Expression)



人民卫生出版社
PEOPLE'S MEDICAL PUBLISHING HOUSE





一、基因表达产生有功能的蛋白质和RNA

1. 基因 (gene)

遗传的基本单位，是负载特定遗传信息的DNA分子片段。

2. 基因表达 (gene expression)

基因表达就是基因转录及翻译的过程。在一定调节机制控制下，大多数基因经历基因激活、转录及翻译等过程，产生具有特异生物学功能的蛋白质分子，赋予细胞或个体一定的功能或形态表型，但并非所有基因表达过程都产生蛋白质。rRNA、tRNA编码基因转录产生RNA的过程也属于基因表达。



二、基因表达具有时间特异性和空间特异性

(一) 时间特异性

1. 时间特异性 (temporal specificity)
2. 阶段特异性 (stage specificity)

(二) 空间特异性

1. 空间特异性 (spatial specificity)
2. 细胞特异性 (cell specificity) 或组织特异性 (tissue specificity)



三、基因表达的方式存在多样性

(一) 有些基因几乎在所有细胞中持续表达

1. 管家基因 (house-keeping gene)

有些基因产物对生命全过程都是必需的或必不可少的。这类基因在一个生物个体的几乎所有细胞中持续表达，不易受环境条件的影响，或称基本表达。这些基因通常被称为管家基因。如柠檬酸循环中催化各阶段反应的酶的编码基因。

2. 基本（或组成性）基因表达 (constitutive gene expression)

管家基因的表达称为基本（或组成性）基因表达。基本的基因表达只受启动序列或启动子与RNA聚合酶相互作用的影响，而基本不受其他机制调节。



(二) 有些基因的表达受到环境变化的诱导和阻遏

1.可诱导基因 (inducible gene)

在特定环境信号刺激下，相应的基因被激活，基因表达产物增加，即这种基因表达是可诱导的。例如，在有DNA损伤时，修复酶基因就会在细菌体内被激活，使修复酶被诱导而反应性地增加。

2.可阻遏基因 (repressible gene)

如果基因对环境信号应答时被抑制，这种基因称为可阻遏基因。例如，当培养基中色氨酸供应充分时，细菌体内与色氨酸合成有关的酶编码基因表达就会被抑制。

3.诱导和阻遏是同一事物的两种表现形式，在生物界普遍存在



(三) 生物体内不同基因的表达受到协调调节

1. 协同调节 (coordinate regulation)

在一定机制控制下，功能上相关的一组基因，无论其为何种表达方式，均需协调一致、共同表达，即为协同表达 (coordinate expression)。这种调节称为协同调节。

2. 基因的协调表达体现在生物体的生长发育全过程



四、基因表达受到调控序列和调节分子的调控

1. 顺式作用元件 (*cis*-acting element)

基因的调控序列与被调控的编码序列位于同一条DNA链上，被称为顺式作用元件。

2. 反式作用因子 (*trans*-acting factor)

某些基因的调控序列远离被调控的编码序列，实际上是其他分子的编码基因，只能通过其表达产物来发挥作用，这类调控基因产物称为调节蛋白质。调节蛋白质不仅能对处于同一条DNA链上的结构基因的表达进行调控，而且还能对不在一条DNA链上的结构基因的表达起到同样的作用。因此，这些蛋白质分子被称为反式作用因子。



五、基因表达调控呈现多层次和复杂性

1. DNA水平的影响

DNA扩增 (DNA amplification) , DNA重排 (DNA rearrangement) , 以及DNA甲基化 (DNA methylation) 等均可在遗传信息水平上影响基因表达。

2. 转录水平的调节

是基因表达调控最重要、最复杂的一个层次, 转录起始是基因表达的基本控制点。

3. 翻译水平的调节

翻译与翻译后加工可直接、快速地改变蛋白质的结构与功能, 因而对此过程的调控是细胞对外环境变化或某些特异刺激应答时的快速反应机制。



第二节

原核基因表达调控 (Regulation of Gene Expression in Prokaryotes)



人民卫生出版社
PEOPLE'S MEDICAL PUBLISHING HOUSE





一、操纵子是原核基因转录调控的基本单位

1.原核生物大多数基因表达调控是通过操纵子机制实现的

2.操纵子 (operon) : 由结构基因、调控序列和调节基因组成

①**结构基因**: 包括数个功能上有关联的基因, 它们串联排列, 共同构成编码区。这些结构基因共用一个启动子和一个转录终止信号序列, 因此转录合成时仅产生一条mRNA长链, 为几种不同的蛋白质编码。这样的mRNA分子携带了几个多肽链的编码信息, 被称为多顺反子 (polycistron) mRNA。

②**调控序列**: 包括启动子 (promoter) 和操纵元件 (operator)

a. **启动子**: RNA聚合酶和各种调控蛋白作用的部位, 是决定基因表达效率的关键元件。



通常在转录起始点上游-10及-35区域存在一些相似序列，称为共有序列。*E.coli*及一些细菌启动序列的共有序列在-10区域是TATAAT，又称Pribnow盒，在-35区域为TTGACA。这些共有序列决定启动子的转录活性大小。

	-35区		-10区		RNA转录起点
<i>trp</i>	TTGACA	N17	TTAACT	N7	A
<i>tRNA^{tyr}</i>	TTTACA	N16	TATGAT	N7	A
<i>lac</i>	TTTACA	N17	TATGTT	N6	A
<i>recA</i>	TTGATA	N16	TATAAT	N7	A
<i>Ara BAD</i>	CTGACG	N16	TACTGT	N6	A
共有序列	TTGACA		TATAAT		

5种*E.coli*启动子的共有序列



b. 操纵元件：是一段能被特异的阻遏蛋白识别和结合的DNA序列。

③调节基因 (regulatory gene)：编码能够与操纵序列结合的阻遏蛋白

阻遏蛋白的作用：

识别、结合特异的操纵序列，抑制基因转录，所以阻遏蛋白介导负调节 (negative regulation)。阻遏蛋白介导的负性调节机制在原核生物中普遍存在。

3. 其它调控蛋白：特异因子，激活蛋白

①特异因子决定RNA聚合酶对一个或一套启动序列的特异性识别和结合能力；

②激活蛋白可结合启动子邻近的DNA序列，提高RNA聚合酶与启动序列的结合能力，从而增强RNA聚合酶的转录活性，是一种正调控 (positive regulation)。



二、乳糖操纵子是典型的诱导型调控

(一) 乳糖操纵子的结构

- 1.结构基因：Z、Y及A，分别编码 β -半乳糖苷酶、透酶和乙酰基转移酶
- 2.调控区：操纵元件O、启动子P、分解代谢物基因激活蛋白（CAP，cAMP结合蛋白）结合位点
- 3.调节基因I：编码阻遏蛋白（与O序列结合，关闭操纵子）



(二) 乳糖操纵子受到阻遏蛋白和CAP的双重调节

1.阻遏蛋白的负性调节：无乳糖时，I序列表达的Lac阻遏蛋白与O序列结合，阻碍RNA聚合酶与P序列结合，抑制转录启动。

➤诱导物：别乳糖（由乳糖转变而来）

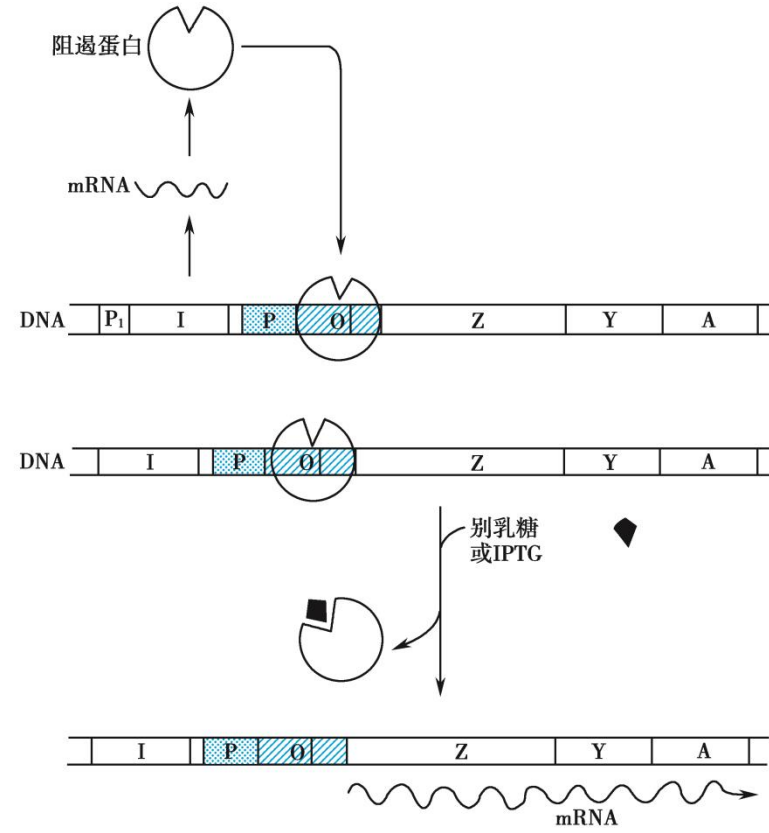
➤机理：别乳糖与阻遏蛋白结合，促使阻遏蛋白从O序列脱离，诱导基因表达

2.CAP的正性调节

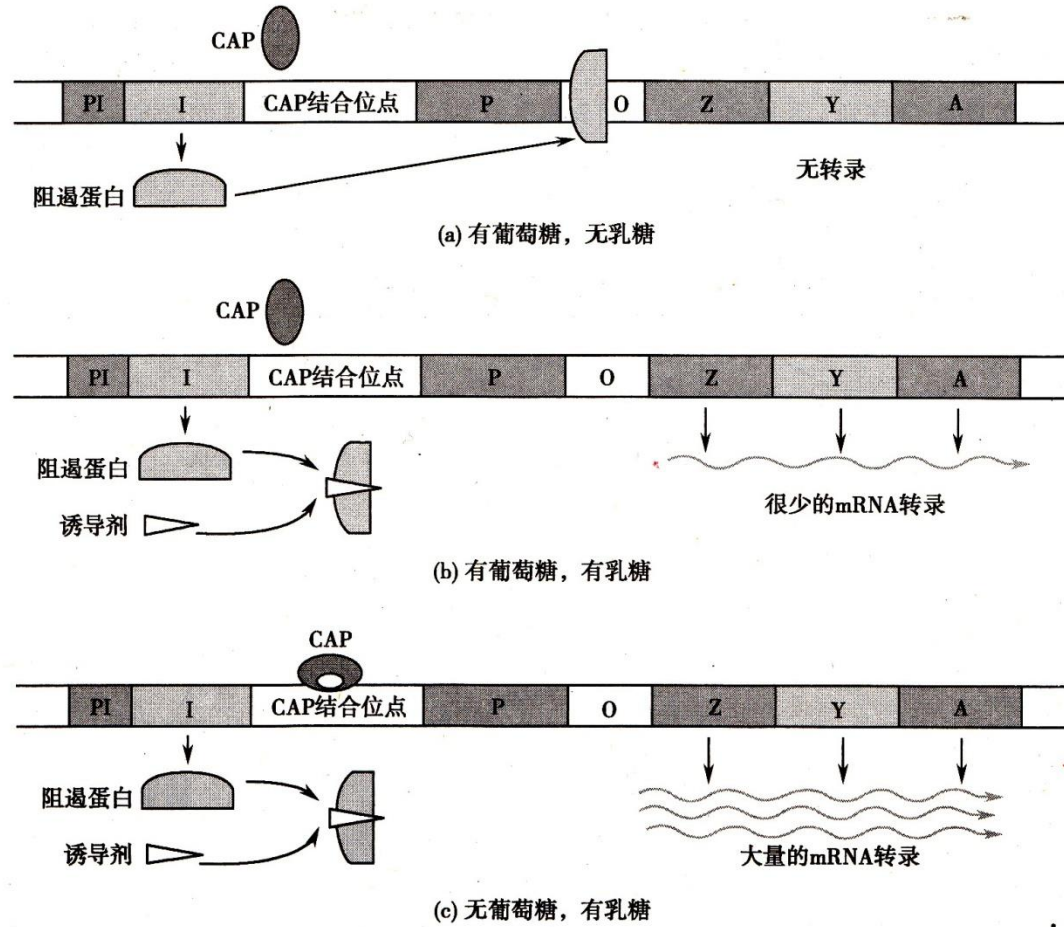
➤正调节物：cAMP，葡萄糖缺乏时，cAMP浓度升高

➤机理：cAMP与CAP结合形成复合物，促使CAP结合CAP位点，激活RNA聚合酶

3.协同调节：Lac阻遏蛋白负性调节与CAP正性调节两种机制协调合作。



lac 操纵子与阻遏蛋白的负性调节



lac 操纵子的调节



三、色氨酸操纵子通过阻遏作用和衰减作用抑制基因表达

(一) 色氨酸操纵子通过阻遏作用抑制基因表达

1. 细胞内无色氨酸时，阻遏蛋白不能与O序列结合，因此色氨酸操纵子处于开放状态，结构基因得以表达。
2. 细胞内色氨酸的浓度较高时，色氨酸作为辅阻遏物与阻遏蛋白形成复合物并结合到O序列上，关闭色氨酸操纵子，停止表达用于合成色氨酸的各种酶。
3. 生理意义：最大限度地减少能量消耗。

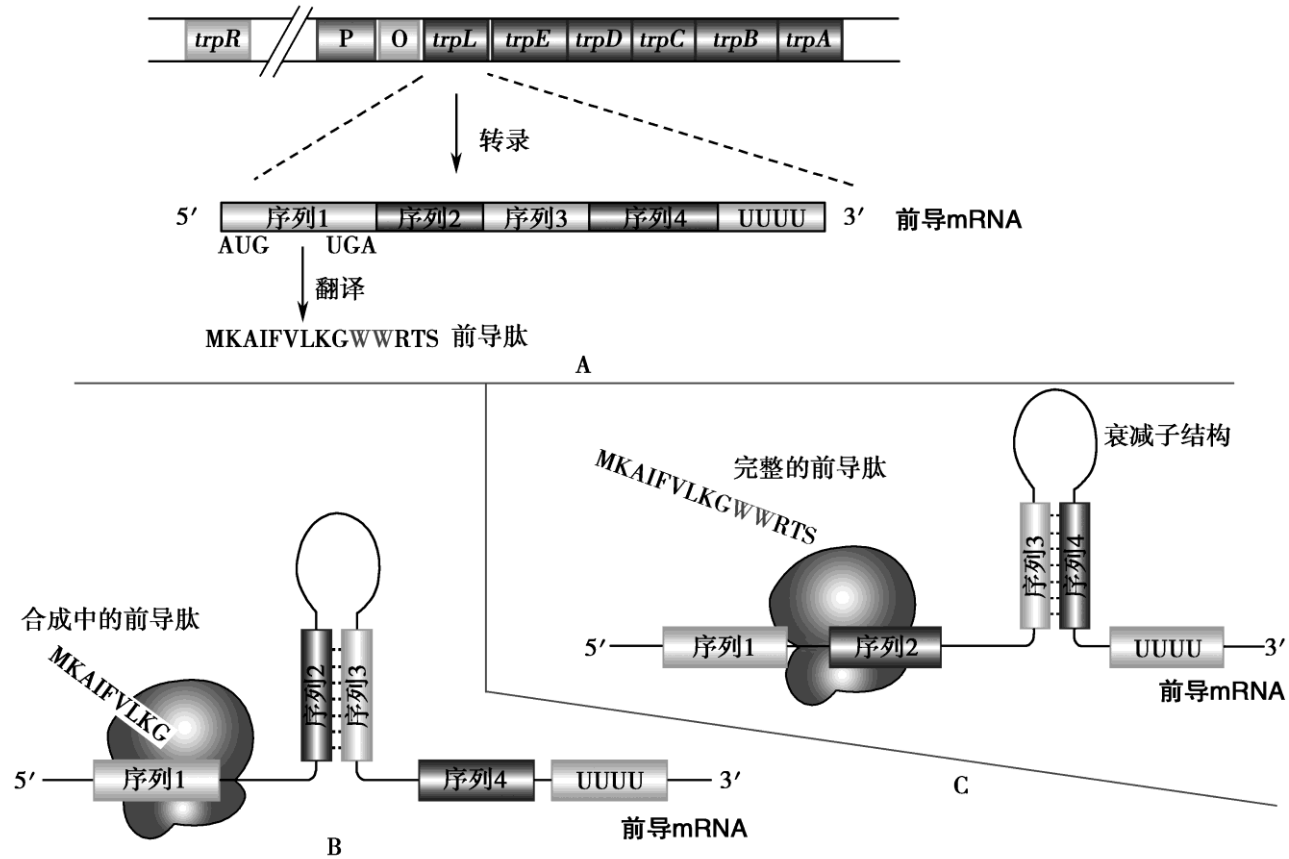


(二) 色氨酸操纵子通过衰减作用抑制基因表达

1.转录衰减 (transcription attenuation)：使已经开始转录的mRNA合成终止的基因表达调节方式，称为转录衰减。这种作用是利用原核生物中转录与翻译过程偶联进行，翻译时先合成的一段前导序列L来实现的。

2.前导序列L的结构特点

- ①它可以转录生成一段长度为162bp、内含4个特殊短序列的前导mRNA；
- ②其中序列1有独立的起始和终止密码子，可翻译成为一个有14个氨基酸残基的前导肽，它的第10位和第11位都是色氨酸残基；
- ③序列1和序列2间、序列2和序列3间、序列3和序列4间存在一些互补序列，分别都可以形成发夹结构。形成发卡结构的能力依次是1/2发夹>2/3发夹>3/4发夹；
- ④序列4的下游有一个连续的U序列，是一不依赖于 ρ 因子的转录终止信号。



色氨酸操纵子的结构及其关闭机制

A.前导序列的结构特征; B.在Trp低浓度时,核糖体停滞在序列1上,2/3发卡结构形成,转录继续进行; C.在Trp高浓度时,3/4发卡结构和多聚U序列使得转录提前终止



3. 转录衰减的机制

- ① 色氨酸的浓度较低时，前导肽的翻译因色氨酸量的不足而停滞在第10/11的色氨酸密码子部位，核糖体结合在序列1上，因此前导mRNA倾向于形成2/3发夹结构，转录继续进行；
- ② 色氨酸的浓度较高时，前导肽的翻译顺利完成，核糖体可以前进到序列2，因此发夹结构在序列3和序列4形成，连同其下游的多聚U使得转录中途终止，表现出转录的衰减。

4. 转录衰减的生理意义

原核生物这种在色氨酸浓度高时，通过阻遏作用（粗调）和转录衰减机制（精调）共同关闭基因表达的方式，保证了营养物质和能量的合理利用。



四、原核基因在翻译水平受到精细调节

(一) 蛋白质分子结合于启动子或启动子周围进行自我调节

1. 调节蛋白结合mRNA靶位点，阻止核糖体识别翻译起始区，从而阻断翻译的机制。
2. 细菌mRNA起始密码子上游约10个核苷酸之前的SD序列与16S rRNA序列互补的程度以及从起始密码子AUG到嘌呤片段的距离也都强烈地影响翻译起始的效率。

(二) 翻译阻遏利用蛋白质与自身mRNA的结合实现对翻译起始的调控

编码区的起始点可与调节分子（蛋白质或RNA）直接或间接地结合来决定翻译起始。在此调控机制中，调节蛋白可以结合到起始密码子上，阻断与核糖体的结合。



(三) 反义RNA利用结合mRNA翻译起始部位的互补序列调节翻译起始

反义控制 (antisense control) : 有些细菌或病毒, 能够转录产生反义RNA, 反义RNA含有与特定mRNA翻译起始部位互补的序列, 通过与mRNA杂交阻断30S小亚基对起始密码子的识别及与SD序列的结合, 抑制翻译起始。这种调节称为反义控制。

(四) mRNA密码子的编码频率影响翻译速度

当基因中的密码子是常用密码子时, mRNA的翻译速度快, 反之, mRNA的翻译速度慢。



第三节

真核基因表达调控 (Regulation of Gene Expression in Eukaryotes)



人民卫生出版社
PEOPLE'S MEDICAL PUBLISHING HOUSE

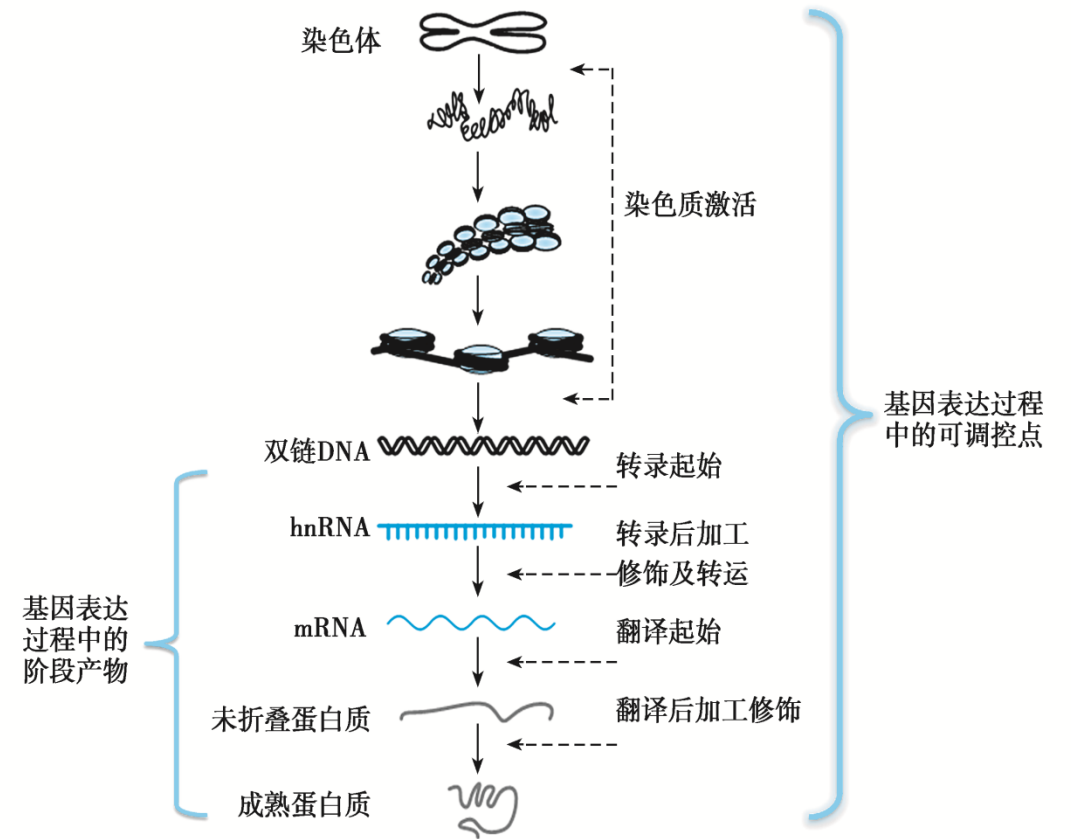


一、真核细胞基因表达特点

1. 真核基因组比原核基因组大得多。
2. 原核基因组的大部分序列都为编码基因，而哺乳类基因组中大约只有10%的序列编码蛋白质、rRNA、tRNA等，其余90%的序列，包括大量的重复序列功能至今还不清楚，可能参与调控。
3. 真核生物编码蛋白质的基因是不连续的，转录后需要剪接去除内含子，这就增加了基因表达调控的层次。
4. 原核生物的基因编码序列在操纵子中，多顺反子mRNA使得几个功能相关的基因自然协调控制；而真核生物则是一个结构基因转录生成一条mRNA，即mRNA是单顺反子（monocistron），许多功能相关的蛋白、即使是一种蛋白的不同亚基也将涉及多个基因的协调表达。

5.真核生物DNA在细胞核内与多种蛋白质结合构成染色质，这种复杂的结构直接影响着基因表达。

6.真核生物的遗传信息不仅存在于核DNA上，还在线粒体DNA上，核内基因与线粒体基因的表达调控既相互独立而又需要协调。



真核生物基因表达的多层次复杂调控

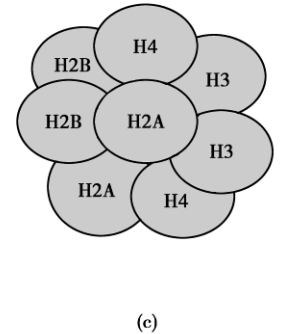
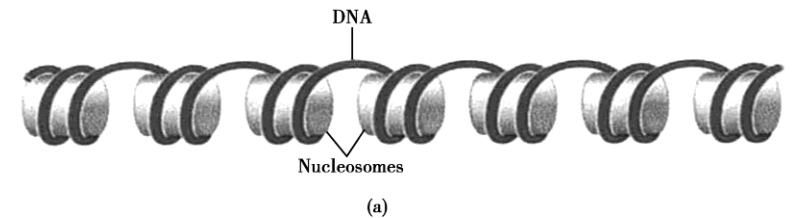
二、染色质结构与真核基因表达密切相关

(一) 转录活化的染色质对核酸酶极为敏感

(二) 转录活化染色质的组蛋白发生变化

1. 转录活化染色质中的组蛋白的特点

- ①富含赖氨酸的H1组蛋白含量降低;
- ②H2A-H2B组蛋白二聚体的不稳定性增加;
- ③核心组蛋白H3、H4可发生乙酰化、磷酸化以及泛素化等修饰。



组蛋白结构

(a)组蛋白和DNA组成的核小体；(b)组蛋白的氨基端伸出核小体，形成组蛋白尾巴；(c)四种组蛋白组成的八聚体C



2. 组蛋白修饰对染色质结构和功能的影响

- ①**乙酰化修饰能够中和组蛋白尾巴上碱性氨基酸残基的正电荷，减弱组蛋白与带有负电荷的DNA之间的结合，使某些染色质区域的结构从紧密变得松散，有利于转录因子与DNA的结合，从而开放某些基因的转录，增强其表达水平；**
- ②**组蛋白甲基化通常不会在整体上改变组蛋白尾巴的电荷，但是能够增加其碱性度和疏水性，因而增强其与DNA的亲合力，抑制某些基因的转录，降低其表达水平；**
- ③**组蛋白的磷酸化修饰在细胞有丝分裂和减数分裂期间染色体浓缩以及基因转录激活过程中发挥重要的调节作用。**



组蛋白修饰对染色质结构与功能的影响

组蛋白	氨基酸残基位点	修饰类型	功能
H3	Lys-4	甲基化	激活
H3	Lys-9	甲基化	染色质浓缩
H3	Lys-9	甲基化	DNA甲基化所必需
H3	Lys-9	乙酰化	激活
H3	Ser-10	磷酸化	激活
H3	Lys-14	乙酰化	防止Lys-9的甲基化
H3	Lys-79	甲基化	端粒沉默
H4	Arg-3	甲基化	
H4	Lys-5	乙酰化	装配
H4	Lys-12	乙酰化	装配
H4	Lys-16	乙酰化	核小体装配
H4	Lys-16	乙酰化	Fly X激活



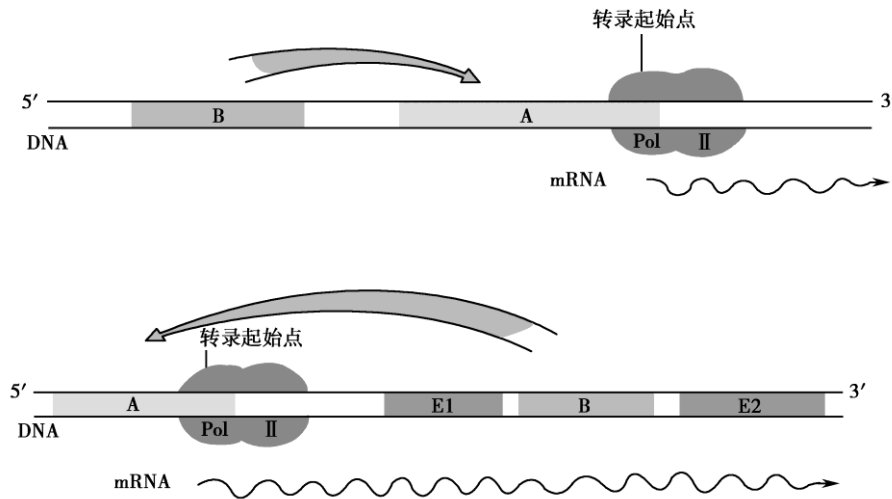
(三) CpG岛甲基化水平降低

- 1. DNA甲基化：**真核基因组中胞嘧啶的第5位碳原子可以在DNA甲基转移酶（DNA methyltransferase）的作用下被甲基化修饰为5-甲基胞嘧啶，并且以序列CG中的胞嘧啶甲基化更加常见。
- 2. CpG岛（CpG island）：**真核基因组中GC含量达60%，长度为300~3000bp的区段称作CpG岛。CpG岛主要位于基因的启动子和第一外显子区域，约有60%以上基因的启动子含有CpG岛。
- 3. CpG岛甲基化对基因表达的影响：**CpG岛的高甲基化促进染色质形成致密结构，不利于基因表达；CpG岛的低甲基化作用正好相反。

三、转录起始的调节

(一) 顺式作用元件是转录起始的关键调节部位

顺式作用元件：是指可影响自身基因表达活性的DNA序列，通常是非编码序列，但是并非都位于转录起始点上游。真核基因的顺式作用元件分为启动子、增强子及沉默子等。



顺式作用元件

图中A、B分别代表同一基因中的两段特异DNA序列。B序列通过一定机制影响A序列，并通过A序列控制该基因的转录起始的准确性及频率。A、B序列就是调节这个基因转录活性的顺式作用元件



1.真核生物启动子结构和调节远较原核生物复杂

(1) 启动子 (promoter) : 一般位于转录起始点上游, 约为100~200bp序列, 包含有若干具有独立功能的DNA序列元件, 每个元件约长7~30bp。

(2) 典型的II类启动子由TATA盒或下游启动子元件 (downstream promoter element, DPE) 和起始元件 (initiator element, Inr) 以及上游调控元件组成。



2.增强子是一种能够提高转录效率的顺式调控元件

(1) 增强子 (enhancer) : 长度大约是200bp, 可使旁侧的基因转录效率提高100倍或更多。

(2) 增强子的作用

- ①属于顺式作用元件;
- ②与特异转录因子结合才能表现活性;
- ③不仅能够在基因的上游或下游起作用, 而且还可以远距离实施调节作用;
- ④增强子作用与序列的方向性无关;
- ⑤增强子需要有启动子才能发挥作用, 没有启动子存在, 增强子不能表现活性。



3. 沉默子能够抑制基因的转录

(1) 沉默子 (silencer) : 是一类基因表达的负性调控元件, 当其结合特异蛋白质因子时, 对基因转录起阻遏作用。

(2) 沉默子的作用: 与增强子类似, 其作用亦不受序列方向的影响, 也能远距离发挥作用, 并可对异源基因的表达起作用。

4. 绝缘子阻碍其他调控元件的作用

(1) 绝缘子 (insulator) : 位于增强子或沉默子与启动子之间, 与特异蛋白质因子结合后, 阻碍增强子或沉默子对启动子的作用。

(2) 绝缘子还可位于常染色质与异染色质之间, 保护常染色质的基因表达不受异染色质结构的影响; 与增强子类似, 发挥作用与序列的方向性无关。

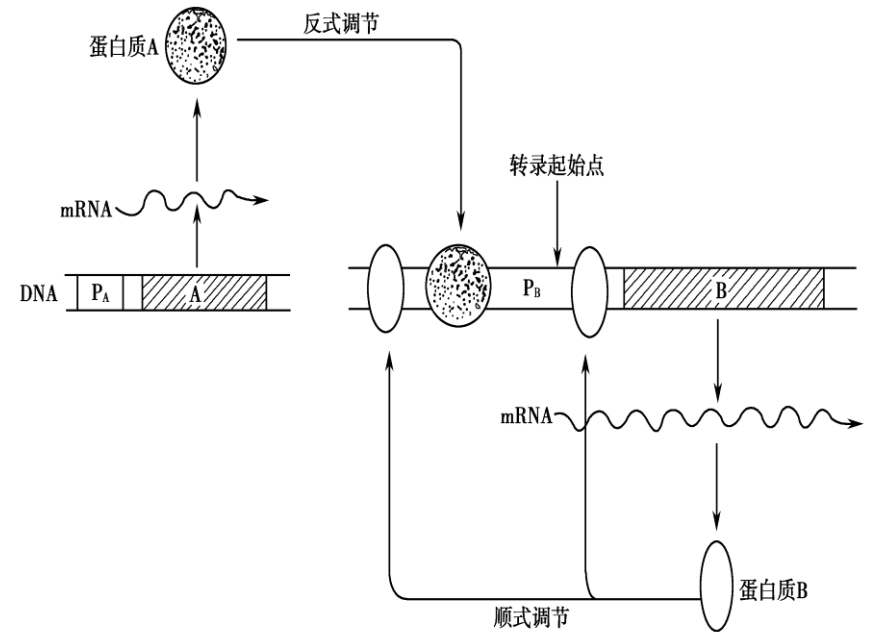
(二) 转录因子是转录起始调控的关键分子

转录因子 (transcription factor)：是指真核基因的转录调节蛋白，由其编码基因表达后，进入细胞核，通过识别、结合特异的顺式作用元件而增强或降低相应基因的表达。转录因子也被称为反式作用蛋白或反式作用因子。

顺式作用蛋白：有些基因产物可特异识别、结合自身基因的调节序列，调节自身基因的开启或关闭，这就是顺式调节作用。具有这种调节方式的调节蛋白称为顺式作用蛋白。

转录因子分类：

- ①通用转录因子 (general transcription factor)
- ②特异转录因子 (special transcription factor)



反式与顺式作用蛋白



1.通用转录因子

- (1) RNA聚合酶介导基因转录时所必需的一类辅助蛋白质，帮助聚合酶与启动子结合并起始转录，对所有基因都是必需的。例如：TFIID
- (2) 没有组织特异性，因而对于基因表达的时空选择性并不重要。

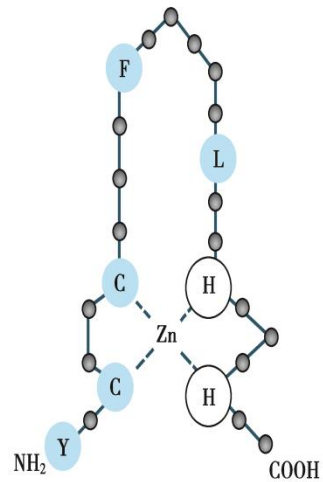
2.特异转录因子

- (1) 为个别基因转录所必需，决定该基因表达的时间空间特异性。
- (2) 包括转录激活因子和转录抑制因子。
- (3) 受环境影响，是使环境变化在基因表达水平得到体现的关键分子。
- (4) 在细胞分化和组织发育过程中具有重要作用。

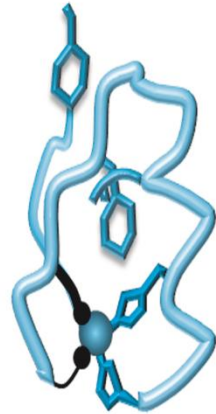
3. 转录因子的结构特点

(1) 转录因子的DNA结合结构域

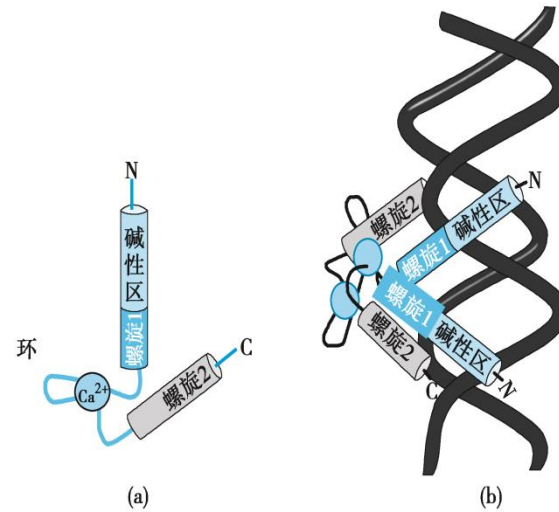
① 锌指模体 (zinc finger)



锌指结构

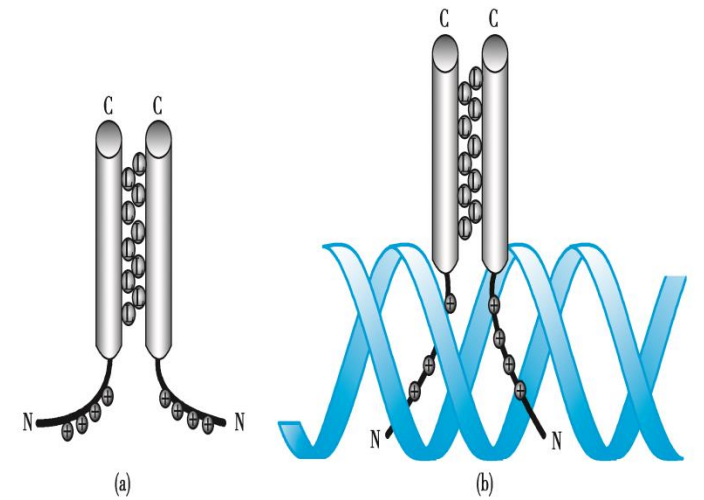


② 碱性螺旋-环-螺旋 (basic helix-loop-helix, bHLH) 模体



碱性螺旋-环-螺旋模体结构

③ 碱性亮氨酸拉链 (basic leucine zipper, bZIP) 模体



碱性亮氨酸拉链模体结构



(2) 转录因子的转录激活结构域

- ①酸性激活结构域；
- ②富含谷氨酰胺结构域；
- ③富含脯氨酸结构域。

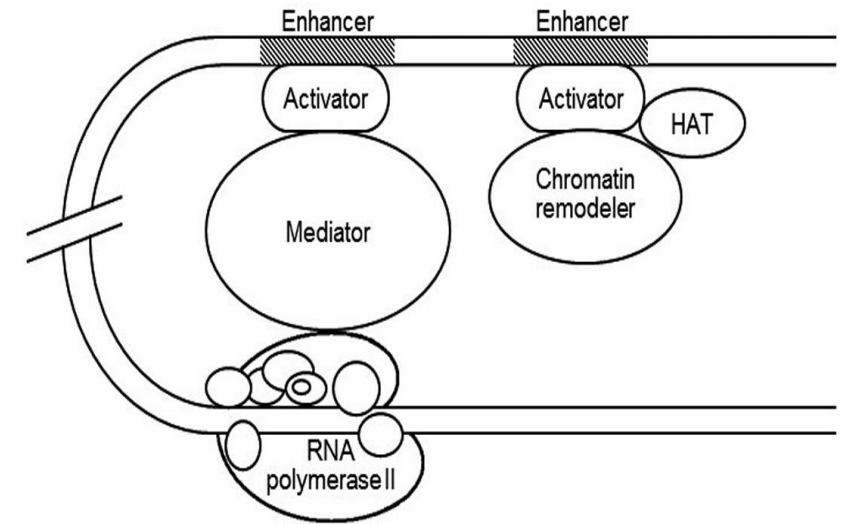
4.二聚化是常见的蛋白质-蛋白质相互作用方式

二聚化作用与bZIP的亮氨酸拉链、bHLH的螺旋-环-螺旋结构有关

(三) 转录起始复合物的组装是转录调控的主要方式

1.真核生物主要有三种RNA聚合酶，分别负责催化生成不同的RNA分子。其中RNA聚合酶II参与转录生成所有mRNA前体及大部分snRNA

2.转录激活因子参与转录起始复合物的形成



转录激活因子参与转录起始复合物的形成



四、转录后调控主要影响真核mRNA的结构与功能

(一) mRNA的稳定性影响真核生物基因表达

1. 5'-端的帽结构可以增加mRNA的稳定性

- (1) 使得mRNA免于在5'-核酸外切酶的作用下被降解，从而延长了mRNA的半衰期
- (2) 通过与相应的帽结合蛋白结合而提高翻译的效率，并参与mRNA从细胞核向细胞质的转运。

2. 3'-端的poly (A) 尾结构防止mRNA降解

- (1) Poly (A) 及其结合蛋白可以防止3'-核酸外切酶降解mRNA，增加mRNA的稳定性。
- (2) 3'-poly (A) 尾结构还参与了翻译的起始过程。



(二) 一些非编码小分子RNA可引起转录后基因沉默

核酶、细胞核小分子RNA (snRNA) , 核仁小分子RNA (snoRNA) , miRNA以及siRNA, 都可引起转录后基因沉默

(三) mRNA前体的选择性剪接可以调节真核生物基因表达

mRNA前体的选择性剪接使一条mRNA前体产生了不同的成熟mRNA, 并由此产生了完全不同的蛋白质, 显示了基因调控对生物多样性的决定作用。



五、真核基因表达在翻译及翻译后仍可受到调控

(一) 对翻译起始因子活性的调节主要通过磷酸化修饰进行

1. 翻译起始因子eIF-2 α 的磷酸化抑制翻译起始
2. eIF-4E及eIF-4E结合蛋白的磷酸化激活翻译起始

(二) RNA结合蛋白参与了对翻译起始的调节

基因表达的许多调节环节都有RNA结合蛋白的参与，如转录终止、RNA剪接、RNA转运、RNA胞质内稳定性控制以及翻译起始等。



(三) 对翻译产物水平及活性的调节可以快速调控基因表达

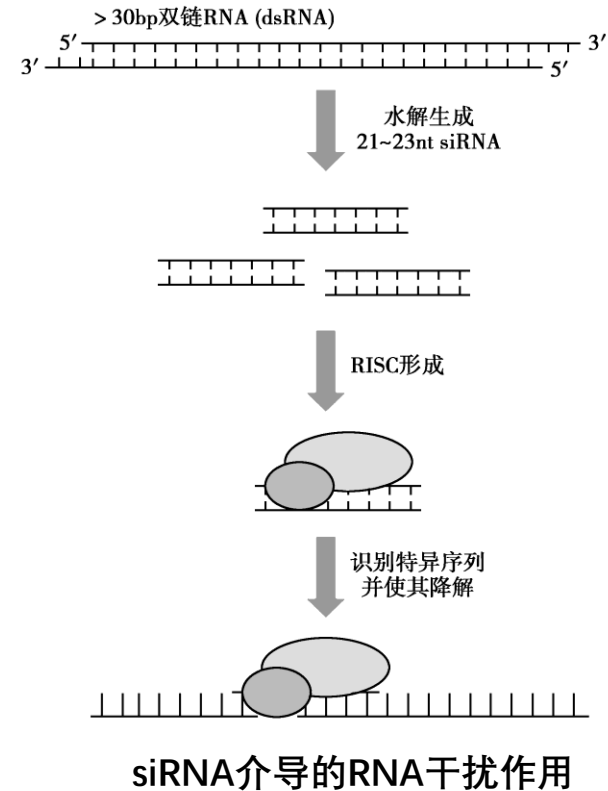
- 1.通过对新生肽链的水解和运输，可以控制蛋白质的浓度在特定的部位或亚细胞器保持在合适的水平。
- 2.通过对蛋白质的可逆的磷酸化、甲基化、酰基化修饰，可以达到调节蛋白质功能的作用，是基因表达的快速调节方式。

(四) 小分子RNA对基因表达的调节十分复杂

- 1.微RNA (microRNA, miRNA)：属小分子非编码单链RNA，长度约22个碱基，由一段具有发夹环结构的前体加工后形成。

2.干扰小RNA (small interfering RNA, siRNA) : 是细胞内的一类双链RNA (double-stranded RNA, dsRNA) , 在特定情况下通过一定酶切机制, 转变为具有特定长度 (21 ~ 23个碱基) 和特定序列的小片段RNA。

(1) siRNA作用机制: 双链siRNA参与RISC组成, 与特异的靶mRNA完全互补结合, 导致靶mRNA降解, 阻断翻译过程。这种由siRNA介导的基因表达抑制作用被称为RNA干扰 (RNA interference, RNAi)





(2) siRNA和miRNA的异同点

- 相同点：**
- ①均由Dicer切割产生；
 - ②长度都在22个碱基左右；
 - ③都与RISC形成复合体，与mRNA作用而引起基因沉默。

不同点：如表所示：

siRNA和miRNA的差异比较

	siRNA	miRNA
前体	内源或外源长双链RNA诱导产生	内源发夹环结构的转录产物
结构	双链分子	单链分子
功能	降解mRNA	阻遏其翻译
靶mRNA结合	需完全互补	不需完全互补
生物学效应	抑制转座子活性和病毒感染	发育过程的调节



(五) 长链非编码RNA在基因表达调控中的作用不容忽视

- 1.长链非编码RNA (lncRNA) 是一类转录本长度超过200个核苷酸的RNA分子, 不直接参与基因编码和蛋白质合成, 但是可在表观遗传水平、转录水平和转录后水平调控基因的表达。**
- 2.lncRNA在很多生命活动中发挥了举足轻重的作用, 与机体的生理和病理过程均有密切的关系, 因此对lncRNA的研究成为当今分子生物学最热门的前沿研究领域之一。**

本章小结

1. 基因表达调控的基本特点

2. 原核基因表达调控

(1) 操纵子是原核基因转录调控的基本单位

① 操纵子的概念

② 乳糖操纵子的作用机制

③ 色氨酸操纵子通过阻遏作用和衰减作用抑制基因表达

(2) 原核基因表达在翻译水平受到精细调节



本章小结

3.真核基因表达调控

(1) 真核基因表达特点

真核基因组结构复杂性，真核基因表达调控较原核生物要复杂许多

(2) 转录起始的调节是基因表达调控的关键环节

①顺式作用元件是转录起始的关键调节部位

②转录因子是转录调控的关键分子

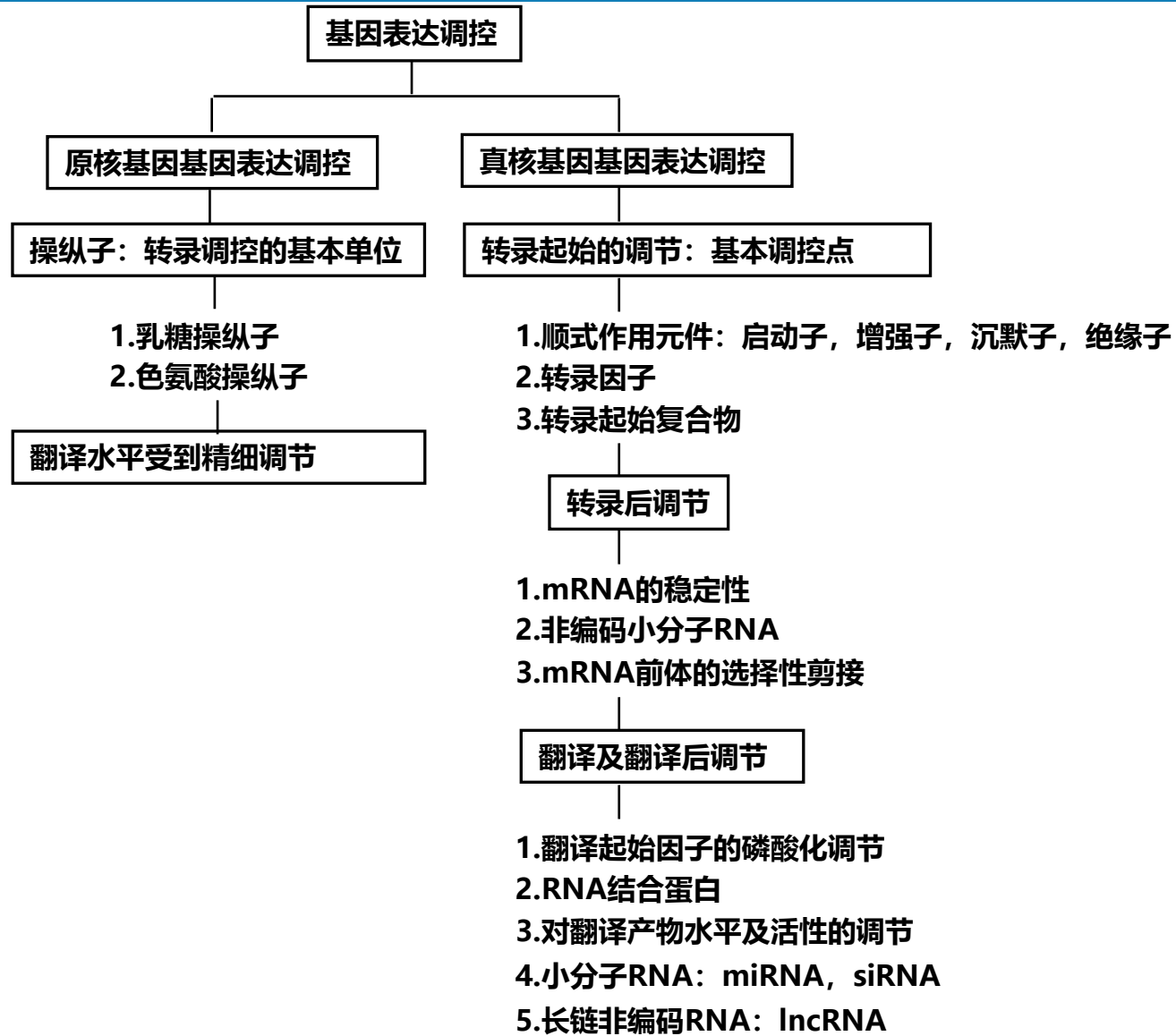
③转录起始复合物的组装是转录调控的主要方式

(3) 真核基因表达在转录后，翻译及翻译后等各个水平都可受到调控





本章知识点框架图:





人民卫生出版社

PEOPLE'S MEDICAL PUBLISHING HOUSE

谢谢观看

