

第十四章

RNA的合成



作者：张玉祥 闫晓东



单位：首都医科大学



人民卫生出版社

PEOPLE'S MEDICAL PUBLISHING HOUSE

目录

第一节 原核生物转录的模板和酶

第二节 原核生物的转录过程

第三节 真核生物RNA的合成

第四节 真核生物RNA前体的加工和降解



重点难点

掌握

RNA转录的模板和酶；真核生物的转录后加工

熟悉

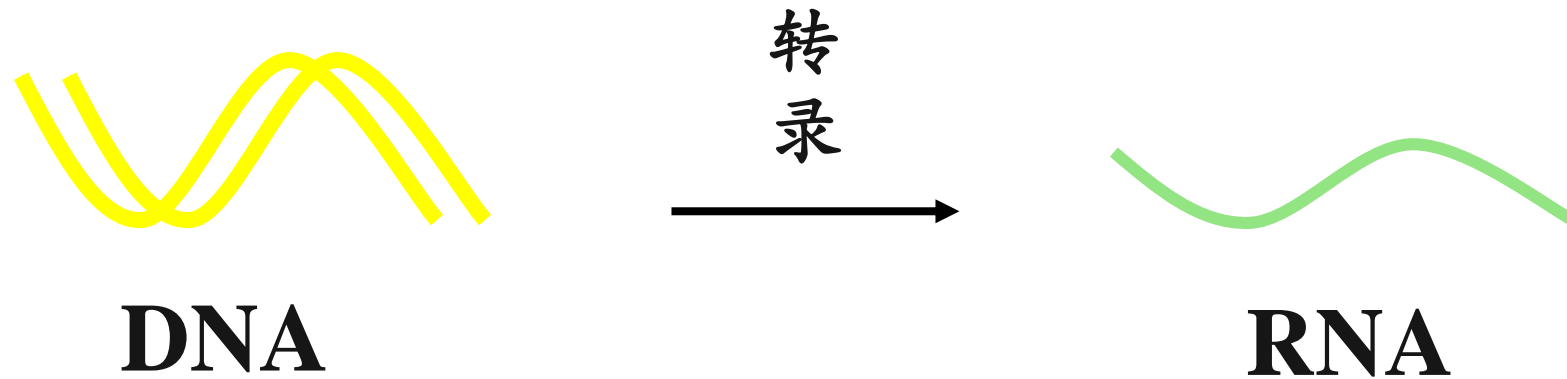
转录过程；原核和真核生物转录的异同

了解

内含子的种类；RNA的降解机制



转录 (transcription) 是生物体以DNA为模板合成RNA的过程



- 在生物界，RNA合成有两种方式：一是DNA指导的RNA合成，也叫转录，此为生物体内的主要合成方式，也是本章介绍的主要内容。转录产物除mRNA、rRNA和tRNA外，在真核细胞内还有snRNA、miRNA等非编码RNA。
- 另一种是RNA指导的RNA合成(RNA-dependent RNA synthesis)，也叫RNA复制(RNA replication)，由RNA依赖的RNA聚合酶(RNA-dependent RNA polymerase)催化，常见于病毒，是逆转录病毒以外的RNA病毒在宿主细胞以病毒的单链RNA为模板合成RNA的方式。



第一节

原核生物转录的模板和酶



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

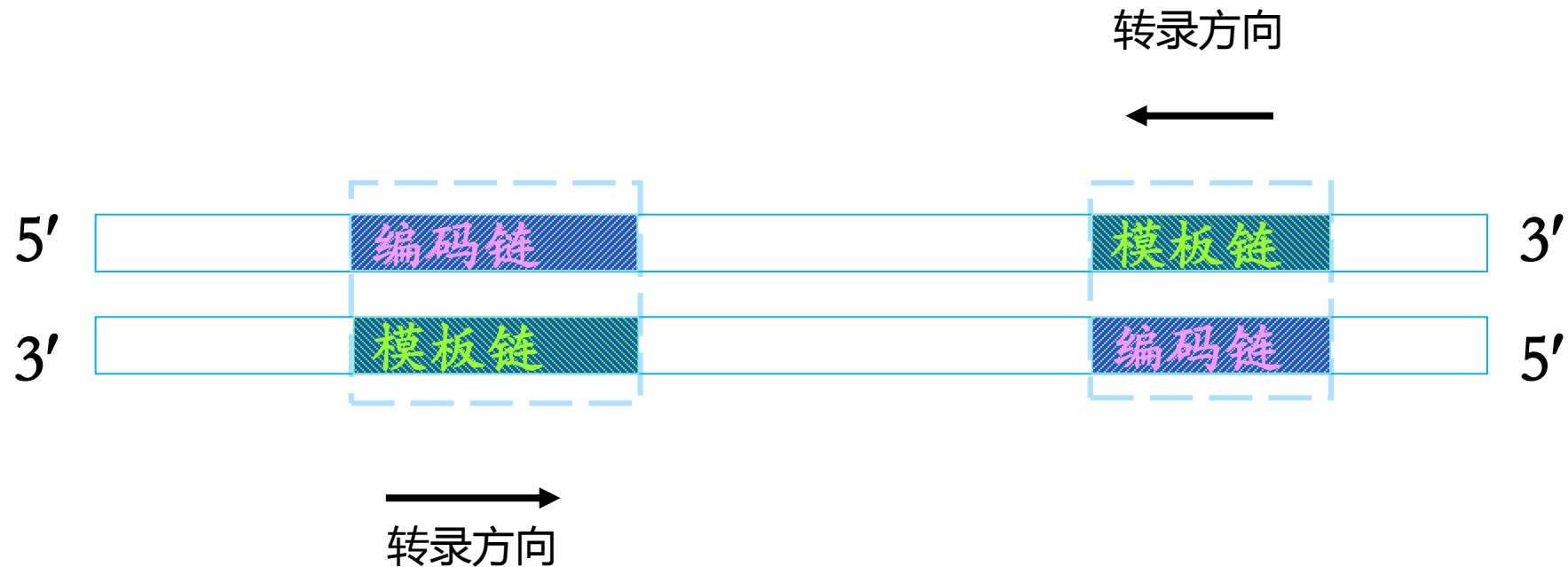


■ 参与转录的物质：

- 原料: NTP (ATP, UTP, GTP, CTP)
- 模板: DNA
- 酶：RNA聚合酶(RNA polymerase, RNA-pol)
- 其他蛋白质因子及 Mg^{2+} 和 Mn^{2+} 等

合成方向 $5' \rightarrow 3'$ ，核苷酸间的连接方式为 $3', 5'$ -磷酸二酯键。

一、原核生物转录的模板



- 结构基因：DNA分子上转录出RNA的区段，称为结构基因(structural gene)。
- 模板链和编码链：在DNA分子双链上，一股链用作模板指引转录，另一股链不转录；模板链并非总是在同一单链上。



模板链和编码链

5'...GCAGTACATGTC ...3' 编码链

3'... c g t g a t g t a c a g ...5' 模板链

转录

5'...GCAGUACAUGUC ...3' mRNA

翻译

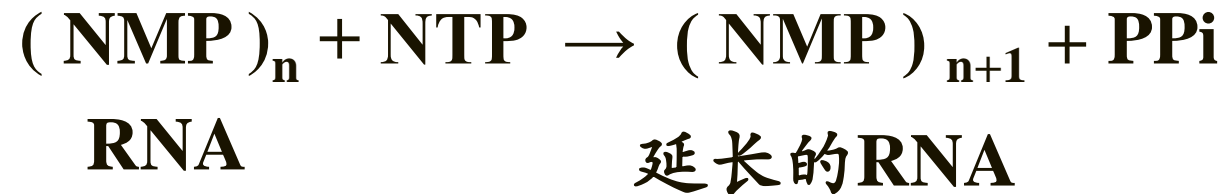
N.....Ala · Val · His · ValC 蛋白质

- DNA双链中按碱基配对规律能指引转录生成RNA的一股单链，称为模板链(template strand)，也称作有意义链或Watson链。
- 相对的另一股单链是编码链(coding strand)，也称为反义链或Crick链。

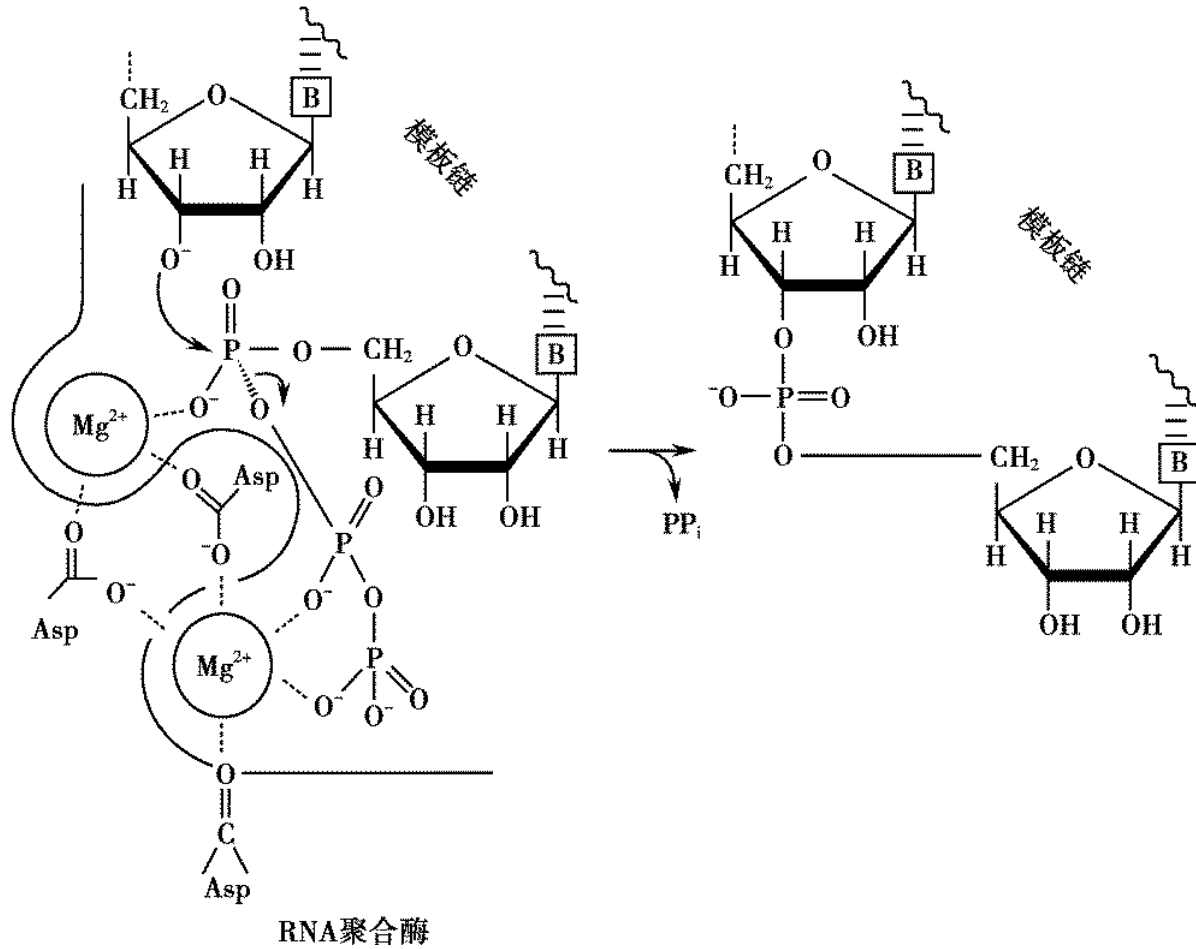


二、RNA聚合酶催化RNA合成

(一) RNA聚合酶能从头启动RNA链的合成



DNA依赖的RNA聚合酶催化RNA合成的机制



- RNA聚合酶和双链DNA结合时活性最高，但是只以双链DNA中的一股DNA链为模板。
- RNA聚合酶和DNA的特殊序列——启动子(promoter)结合后，就能启动RNA合成。
- DNA聚合酶在启动DNA链延长时需要引物存在，而RNA聚合酶不需要引物就能直接启动RNA链的延长。

(二) RNA pol由多个亚基组成

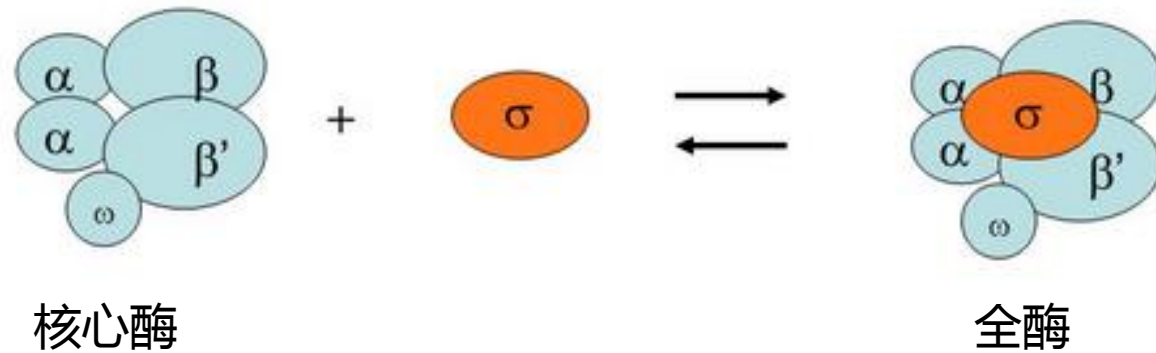
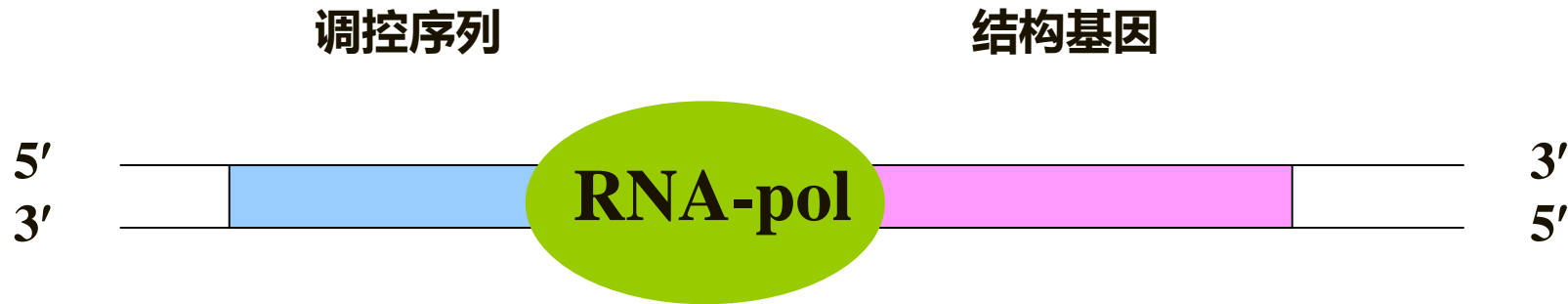


表 14-1 大肠杆菌 RNA 聚合酶组分

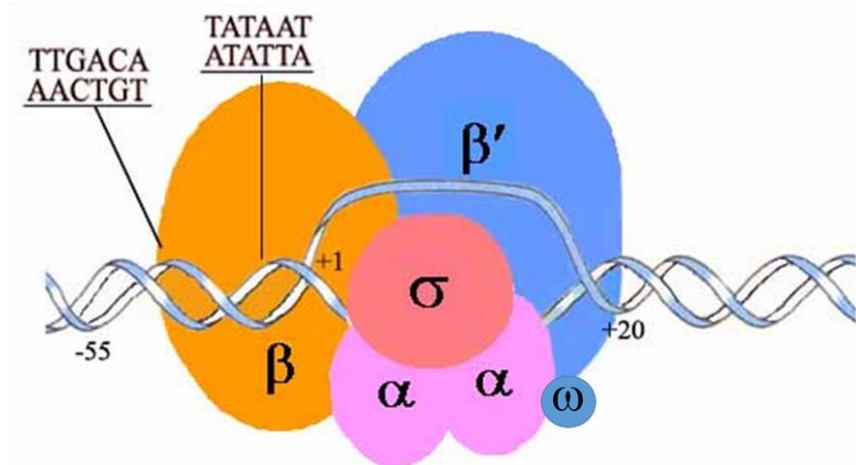
亚基	分子量	每分子酶中所含数目	功能
α	36512	2	决定哪些基因被转录
β	150618	1	与转录全过程有关(催化)
β'	155613	1	结合 DNA 模板(开链)
ω	11000	1	β' 折叠和稳定性; σ 募集
σ	70263	1	辨认起始点

- 大肠杆菌内有一些不同的RNA pol全酶，其差异是 σ 亚基的不同。目前已发现多种 σ 亚基，并用其分子量命名区别，最常见的是 $\sigma 70$ (分子量70 kDa)。 $\sigma 70$ 是辨认典型转录起始点的蛋白质，大肠杆菌中的绝大多数启动子可被含有 $\sigma 70$ 因子的全酶所识别并激活。
- 但有些基因的启动子，如热激蛋白 (heat shock proteins, Hsp) 也为另外的 σ 亚基 ($\sigma 32$) 识别。

三、RNA聚合酶结合到DNA的启动子上启动转录

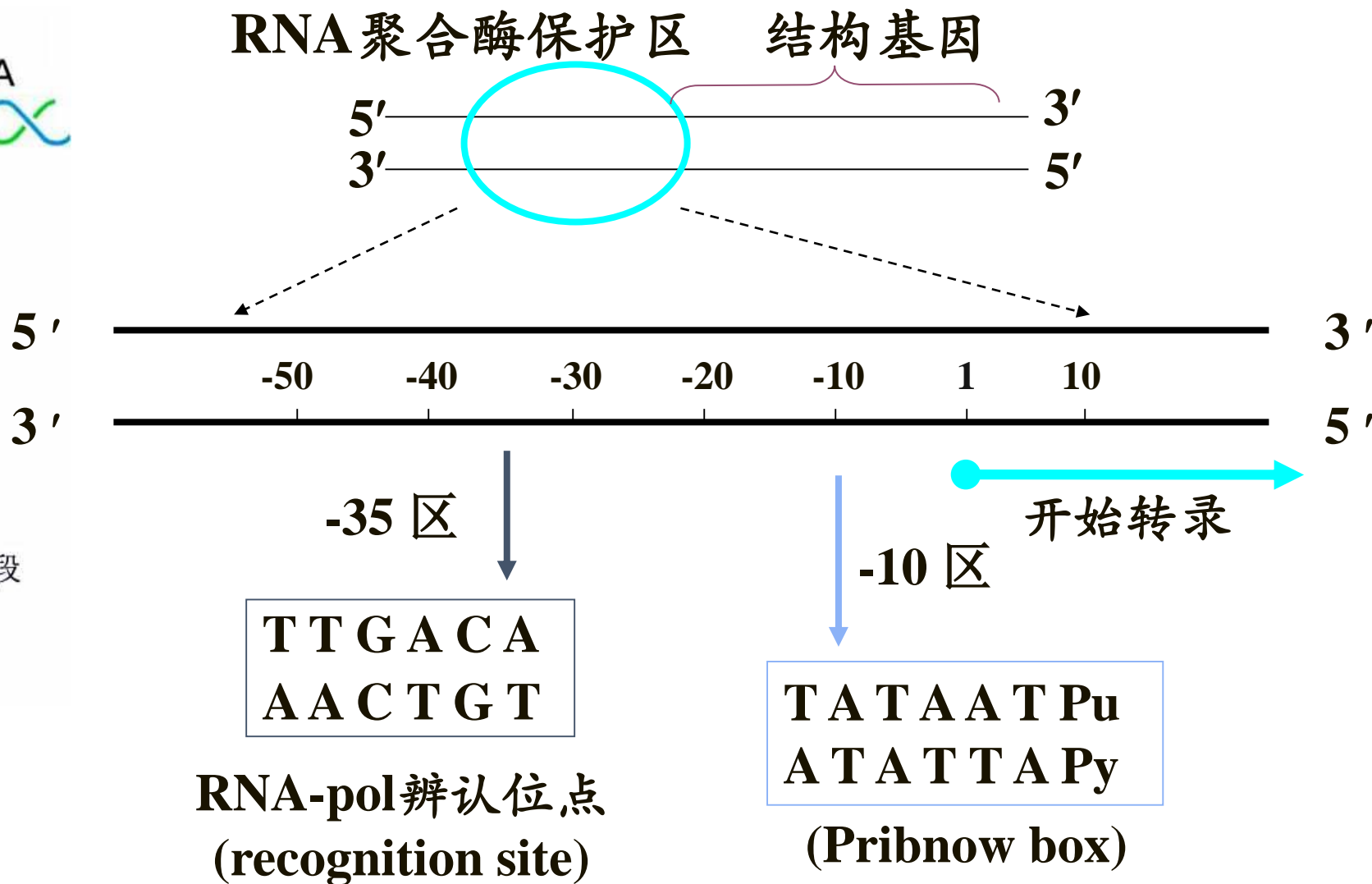
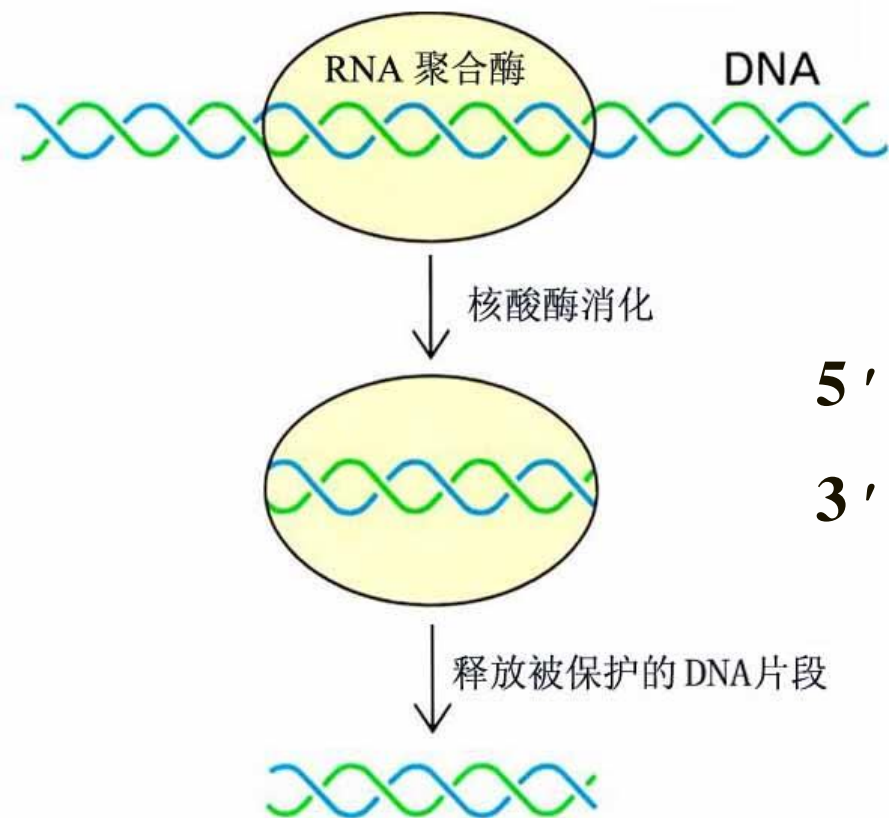


RNA聚合酶全酶在转录起始区的结合



- 转录是不连续、分区段进行的。
- 每一转录区段可视为一个转录单位，称为操纵子(operon)。
- 操纵子包括若干个结构基因及其上游(upstream)的调控序列。

RNA聚合酶保护法



- 调控序列中的启动子是RNA聚合酶结合模板DNA的部位，也是控制转录的关键部位。
- 原核生物以RNA聚合酶全酶结合到DNA的启动子上启动转录，其中由 σ 亚基辨认启动子，其他亚基相互配合。



第二节

原核生物的转录过程



人民卫生出版社

PEOPLE'S MEDICAL PUBLISHING HOUSE



原核生物转录过程和参与转录的物质

- 原核生物的转录过程可分为转录起始、转录延长和转录终止三个阶段。
- 参与转录的物质：

- 原料：NTP (ATP, UTP, GTP, CTP)
- 模板：DNA
- 酶：RNA聚合酶(RNA polymerase, RNA-pol)
- 其他蛋白质因子及 Mg^{2+} 和 Mn^{2+} 等

合成方向 $5' \rightarrow 3'$ ，核苷酸间的连接方式为 $3', 5'$ -磷酸二酯键。



一、转录起始需要RNA pol全酶

- 转录起始需解决两个问题：
- RNA pol必须准确地结合在转录模板的起始区域。
 - DNA双链解开，使其中的一条链作为转录的模板。

转录起始过程

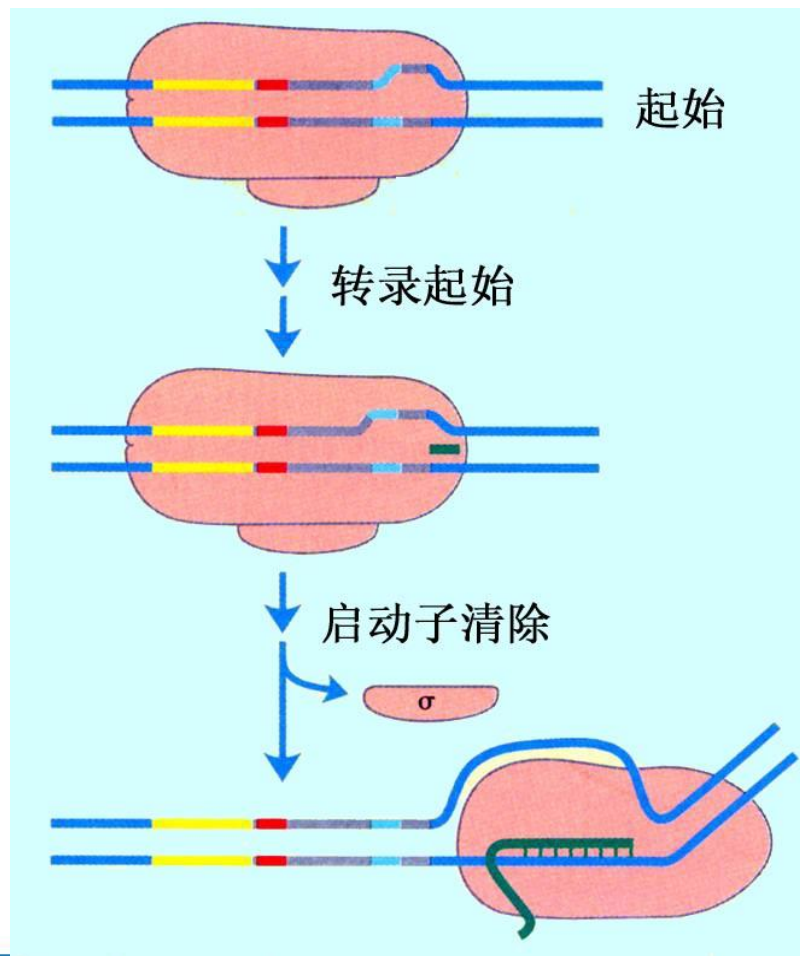
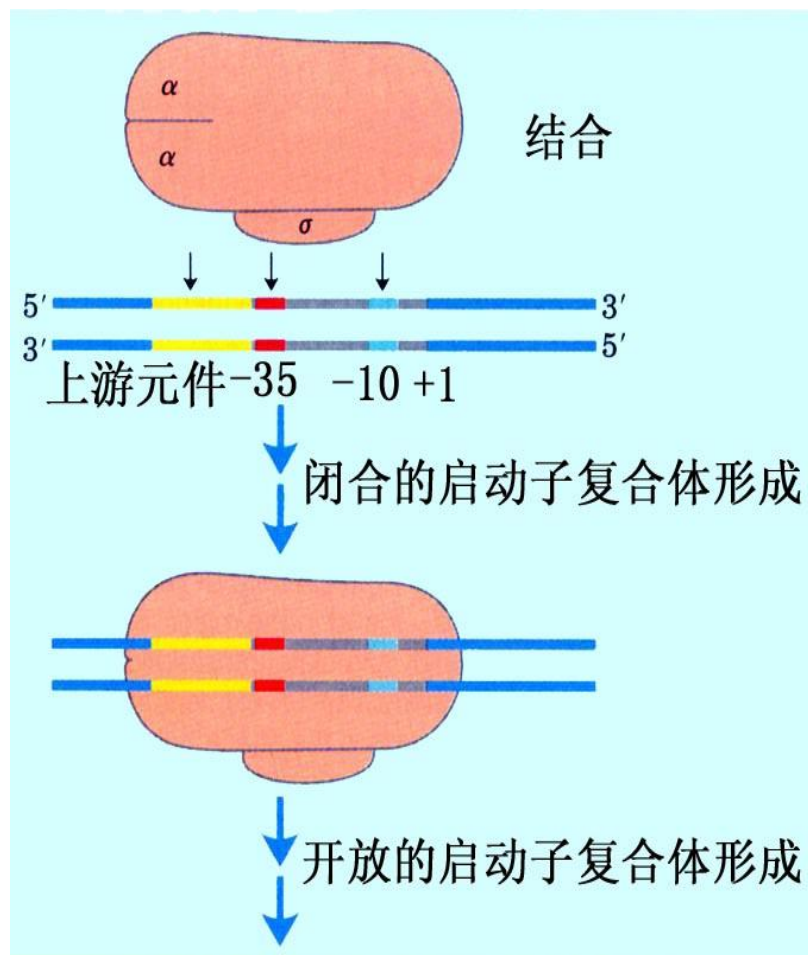
1. RNA聚合酶全酶($\alpha 2\beta\beta'\sigma$)识别并结合启动子，形成闭合转录复合体 (closed transcription comple) ；
2. DNA双链打开，形成开放转录复合体(open transcription complex) ；DNA分子接近-10区域的部分双螺旋解开后转录开始。 DNA双链解开的范围只在17 bp左右，这比复制中形成的复制叉小得多。
3. 在RNA聚合酶作用下发生第一次聚合反应，形成第一个磷酸二酯键：



转录起始复合物:



E.coli的转录起始和延长

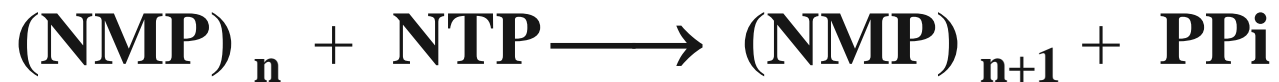


- 第一个磷酸二酯键生成后，转录复合体的构象发生改变， σ 亚基即从转录起始复合物上脱落，核心酶连同四磷酸二核苷酸，继续结合于DNA模板上，酶沿DNA链前移，进入延长阶段。
- 有些时候转录起始会发生流产式起始的情况。

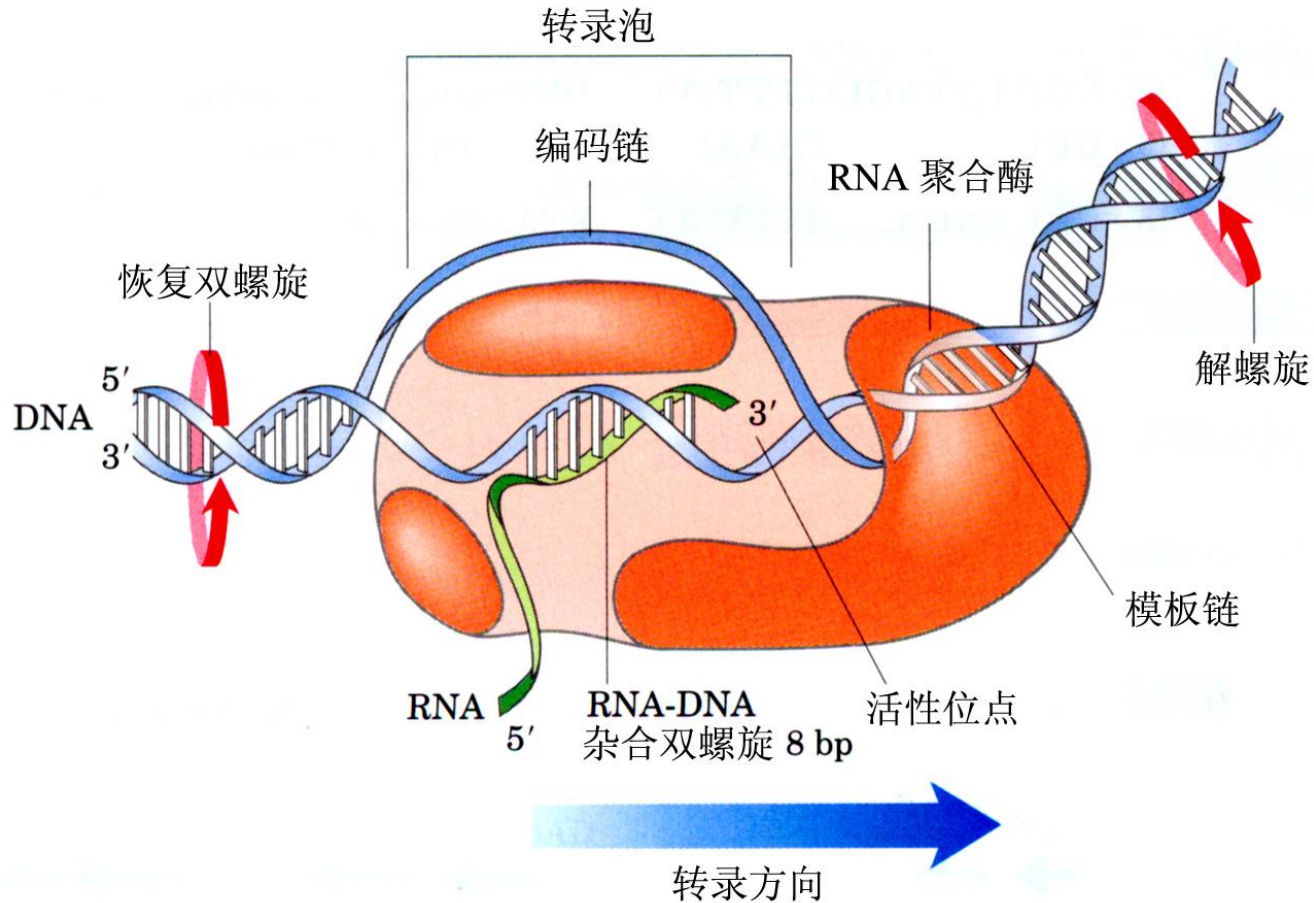


二、 RNA pol核心酶独立延长RNA链

1. σ 亚基脱落，RNA-pol聚合酶核心酶变构，与模板结合松弛，沿着DNA模板前移；
2. 在核心酶作用下，NTP不断聚合，RNA链不断延长。



大肠杆菌的转录泡局部结构示意图



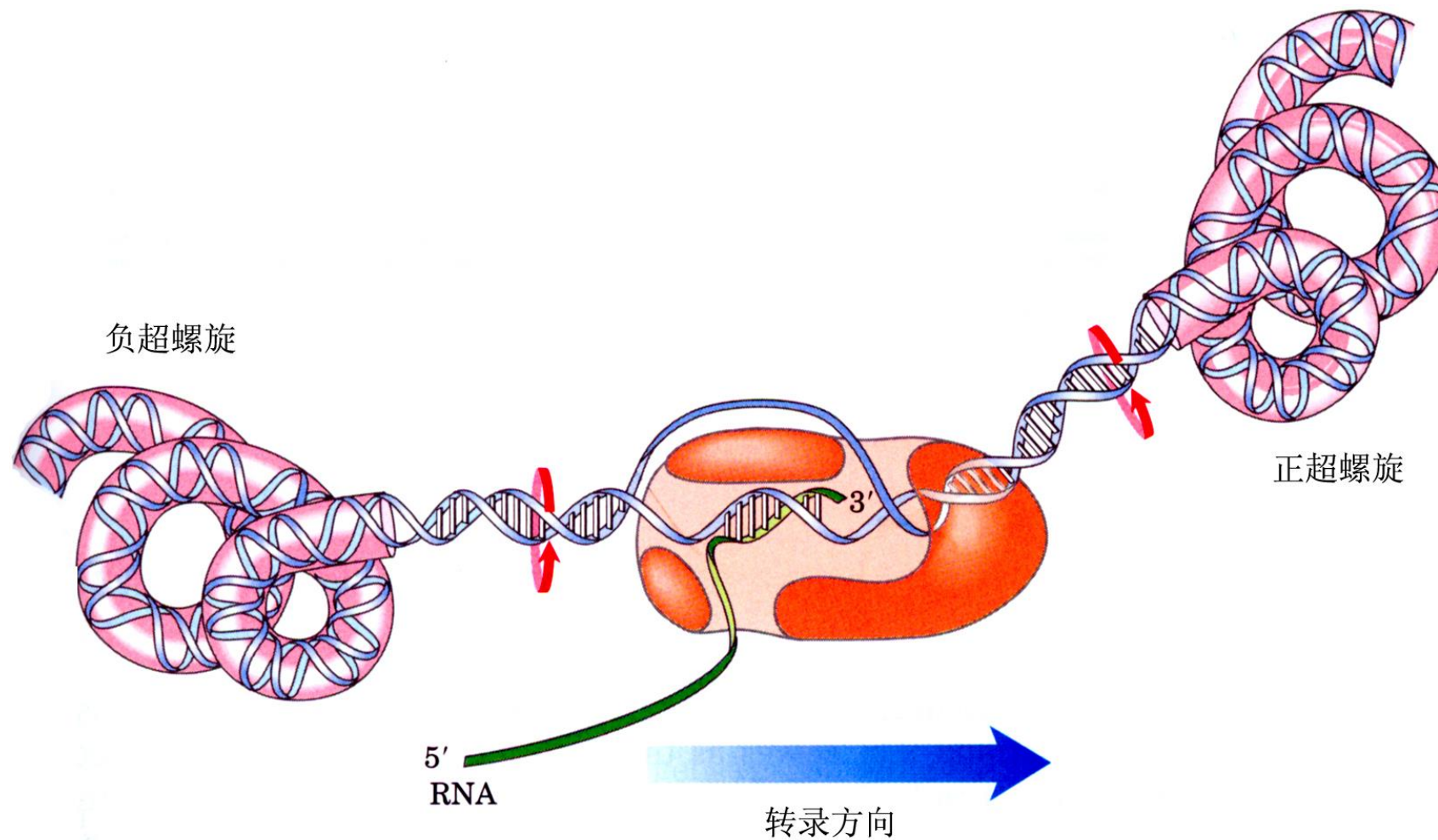
转录延长有以下特点

- ① 核心酶负责RNA链延长反应；
- ② RNA链从5'-端向3'-端延长，新的核苷酸都是加到3'-OH上；
- ③ 对DNA模板链的阅读方向是3'-端向5'-端，合成的RNA链与之呈反向互补，即酶是沿着模板链的3'向5'方向或沿着编码链的5'向3'方向前进的；
- ④ 合成区域存在着动态变化的8 bp 的RNA-DNA杂合双链；
- ⑤ 模板DNA的双螺旋结构随着核心酶的移动发生解链和再复合的动态变化。

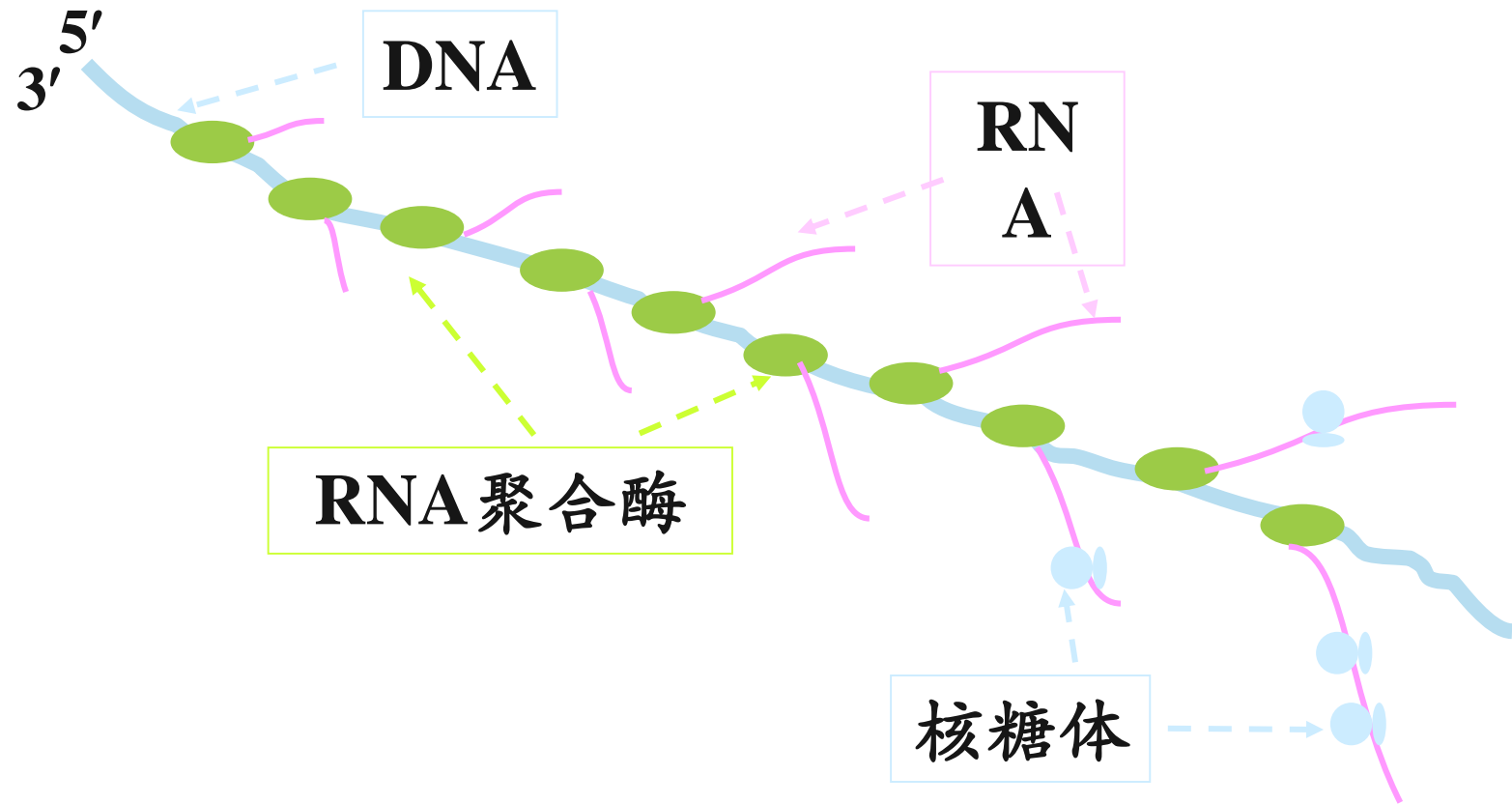
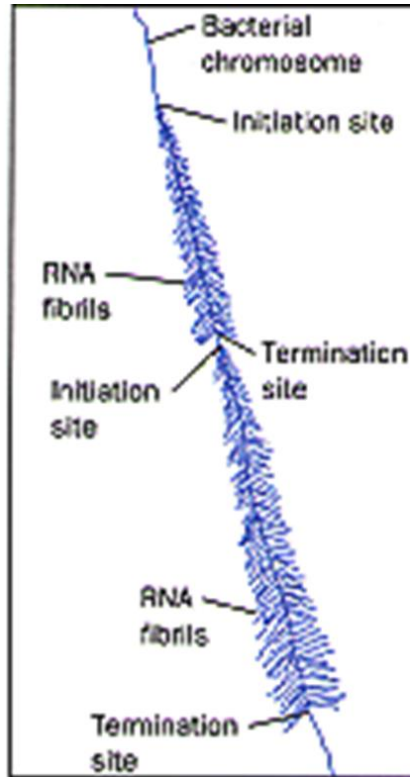
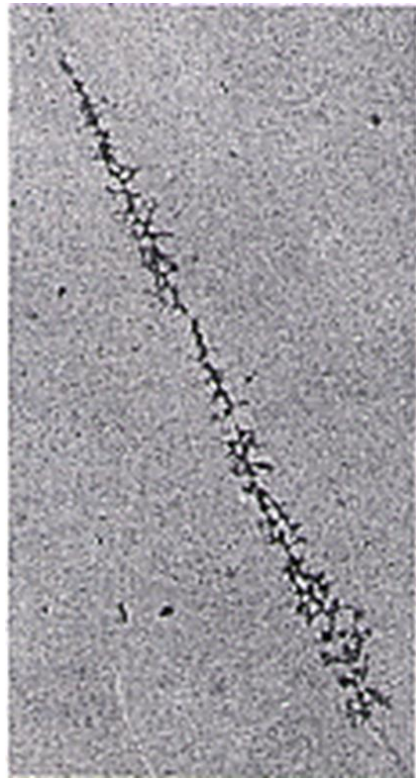
转录空泡(transcription bubble)：

RNA-pol (核心酶) … DNA … RNA

转录过程中DNA的超螺旋结构变化



三、原核生物转录延长与蛋白质的翻译同时进行

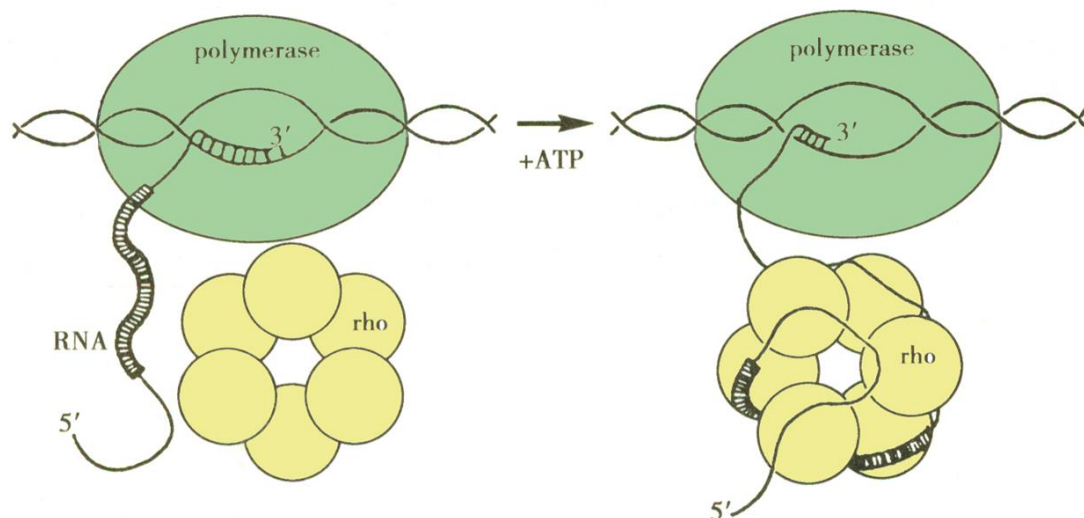


- 在同一DNA模板上，有多个转录同时在进行；
- 转录尚未完成，翻译已在进行。



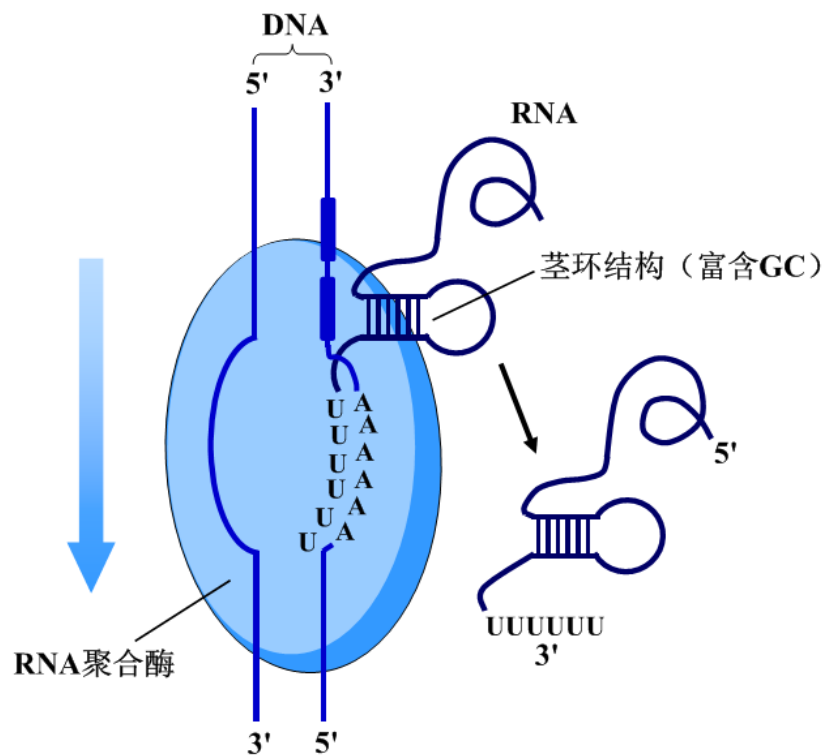
四、原核生物转录终止分为依赖 ρ 因子与非依赖 ρ 因子两大类

(一) 依赖 ρ 因子的转录终止



- ρ 因子是由相同亚基组成的六聚体蛋白质，亚基分子量46kD。
- ρ 因子能结合RNA，又以对poly C的结合力最强，但对poly dC/dG组成的DNA的结合能力就低得多。
- ρ 因子还有ATP酶活性和解螺旋酶(helicase)的活性。

(二) 非依赖 ρ 因子的转录终止



DNA模板上靠近终止处，有些特殊的碱基序列，转录出RNA后，RNA产物形成特殊的结构来终止转录。

茎环结构使转录终止的机制：

- 使RNA聚合酶变构，转录停顿；
- 局部RNA/DNA杂化短链的碱基配对是最不稳定的。
- RNA链上的多聚U也是促使RNA链从模板上脱落的重要因素。



第三节

真核生物RNA的合成



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

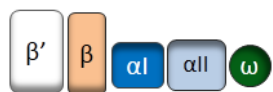


一、真核生物至少有三种DNA依赖的RNA聚合酶

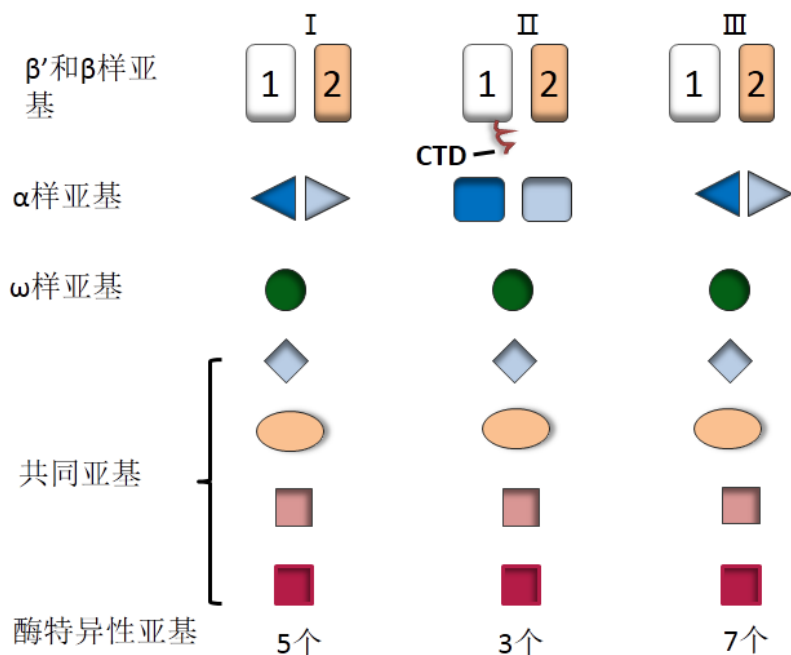
种类	I	II	III
转录产物	rRNA的前体45S rRNA	mRNA前体hnRNA, lncRNA, piRNA, miRNA	tRNA, 5S rRNA snRNA
对鹅膏蕈碱 的反应	耐受	敏感	高浓度下敏感
细胞内定位	核仁	核内	核内

真核生物RNA聚合酶的组成

大肠杆菌的核心酶亚基组成



真核RNA聚合酶

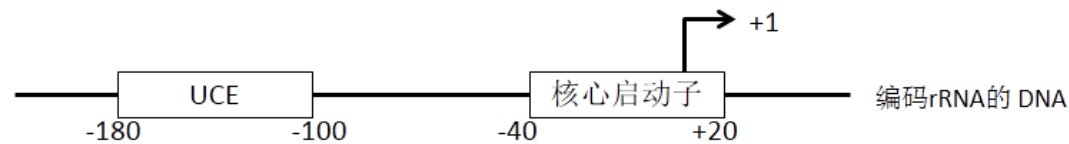


- RNA聚合酶II由12个亚基组成，其最大的亚基称为RBP1。
- RNA聚合酶II最大亚基的羧基末端有一段共有序列 (consensus sequence) 为 Tyr-Ser-Pro-Thr-Ser-Pro-Ser 的重复序列片段，称为羧基末端结构域(carboxyl-terminal domain, CTD)。CTD对于维持细胞的活性是必需的。
- RNA pol II是真核生物中最活跃、最重要的酶，故本章叙述的真核生物的转录主要以RNA pol II所催化的转录反应为例。

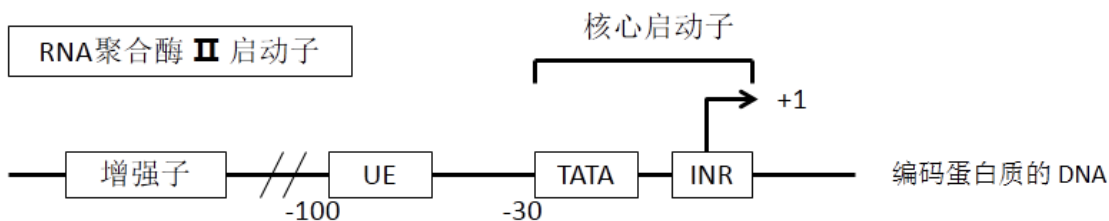


不同RNA聚合酶使用不同类型的启动子

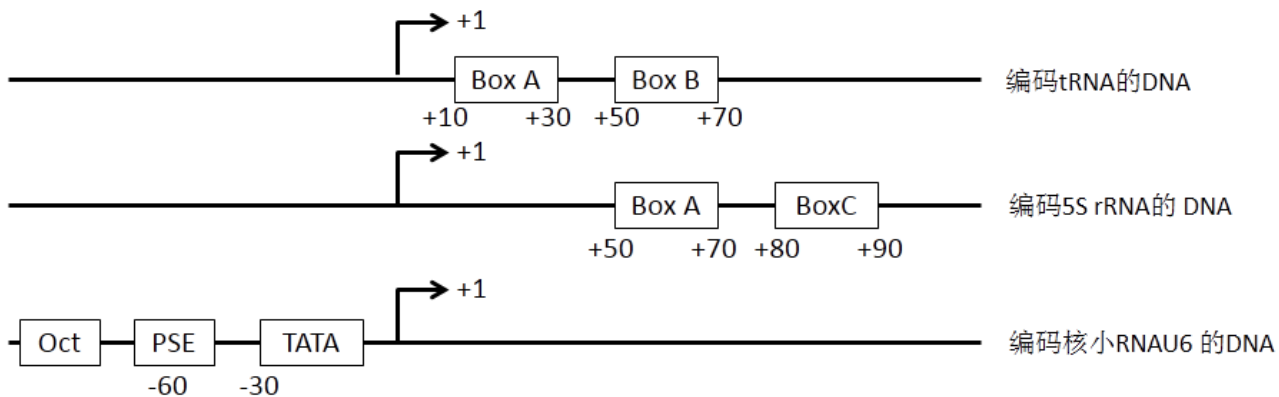
RNA聚合酶 I 启动子



RNA聚合酶 II 启动子



RNA聚合酶 III 启动子





二、转录因子在真核生物转录起始中具有重要作用

- 真核生物的基因转录过程，同样可以分为3个阶段：起始阶段（RNA pol和通用转录因子形成转录起始复合体）、延长阶段和转录终止。
- 与原核生物的显著不同是，起始和延长过程都需要众多相关的蛋白质因子参与，这些因子被称为转录因子（transcriptional factors, TF）或反式作用因子（trans-acting factors）。



(一) 转录前起始复合体的形成

- 真核生物转录起始也需要RNA pol对起始点上游DNA序列进行辨认和结合，生成转录前起始复合体 (preinitiation complex, PIC)。
- 转录起始时，真核生物的RNA pol不直接识别和结合模板的起始区，而是依靠转录因子识别并结合起始序列，故其起始复合体的装配过程比原核生物复杂的多。
- 能直接、间接辨认和结合转录上游区段DNA的蛋白质，现已发现数百种，统称为反式作用因子(trans-acting factors)。
- 反式作用因子中，直接或间接结合RNA聚合酶的，则称为通用转录因子 (general transcription factor) 或基本转录因子 (basal transcription factor) 。

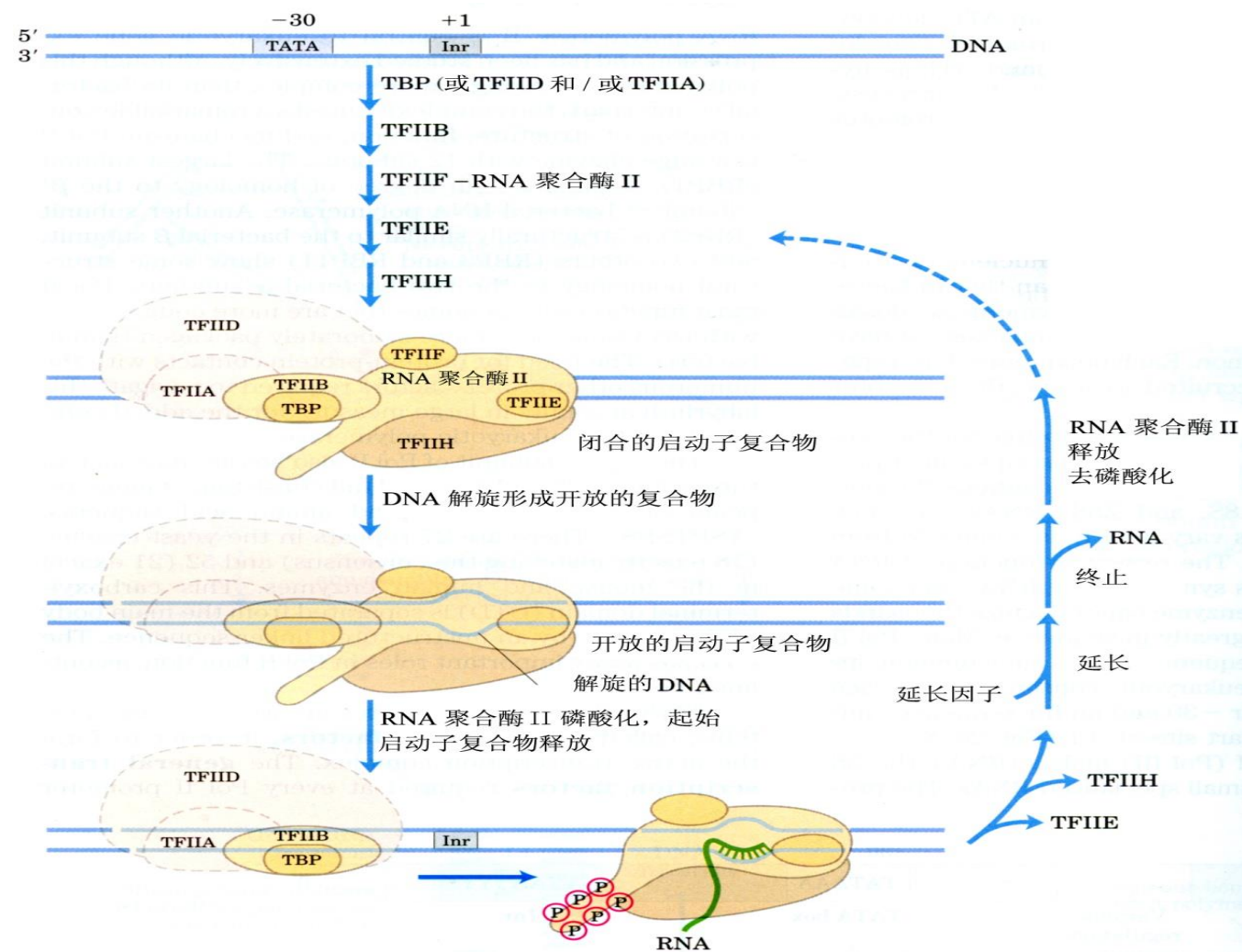


参与RNA-pol II转录的TF II的作用

真核生物中不同的RNA pol需要不同的基本转录因子 (TF) 配合完成转录的起始和延长。相对应于RNA pol I、 RNA pol II、 RNA pol III , 这些TF分别称为TFI、 TFII、 TFIII。

转录因子	功能
TF II D	TBP亚基结合TATA盒
TF II A	辅助TBP-DNA结合
TF II B	稳定TF II D-DNA复合物, 结合RNA pol
TF II E	解螺旋酶, 结合TF II H
TF II F	促进RNA pol II 结合及作为其他因子结合的桥梁
TF II H	解旋酶、作为蛋白激酶催化CTD磷酸化

真核RNA聚合酶II与通用转录因子的作用过程





闭合转录复合体的形成步骤

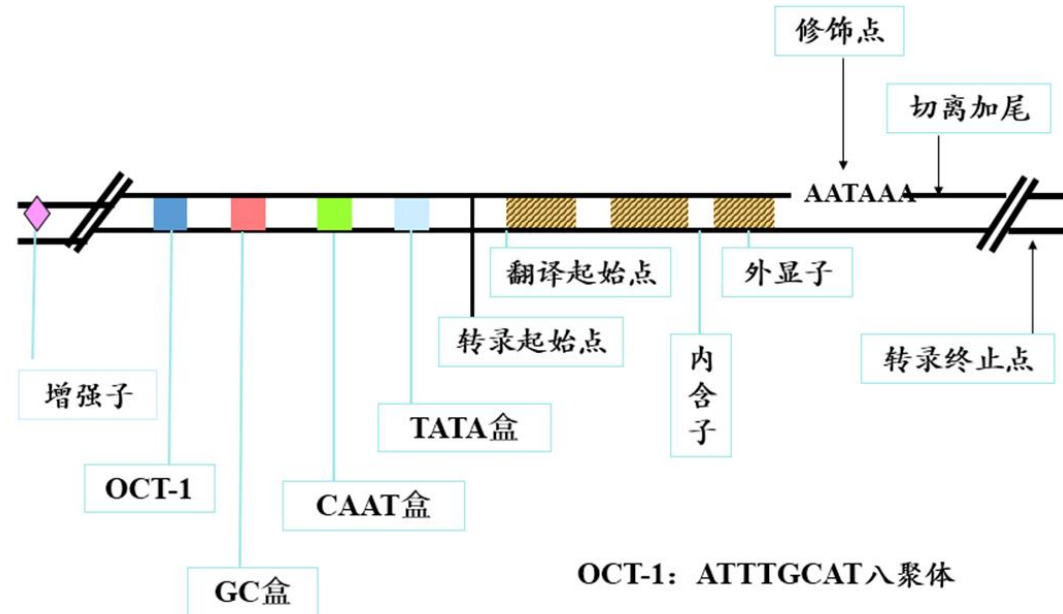
- ① 由TFIID中的TBP识别TATA盒，并在TAFs的协助下结合到启动子区，然后TFIIB与TBP结合，同时TFIIB也能与DNA结合，TFIIA可以稳定与DNA结合的TFIIB-TBP复合体；
- ② TFIIB-TBP复合体与RNA pol II-TFIIF复合体结合，此举可降低RNA pol II与DNA的非特异部位的结合，协助RNA pol II靶向结合启动子；
- ③ TFIIIE和TFIIH加入，形成闭合复合体，装配完成。



TFIIH的功能

- TFIIH具有解旋酶 (helicase) 活性，能使转录起点附近的DNA双螺旋解开，使闭合转录复合体成为开放转录复合体，启动转录。
- TFIIH还具有激酶活性，它的一个亚基能使RNA pol II的CTD磷酸化。
- CTD磷酸化能使开放复合体的构象发生改变，启动转录。CTD磷酸化在转录延长期也很重要，而且影响转录后加工过程中转录复合体和参与加工的酶之间的相互作用。
- 当合成一段含有60 ~ 70个核苷酸的RNA时，TFIIE和TFIIH释放，RNA pol II进入转录延长期。此后，大多数的TF就会脱离转录前起始复合物。

真核基因的转录起始还有其他转录因子的参与



- 除了基本转录因子外，真核基因的转录起始还有其他转录因子的参与，如与启动子上游元件如GC盒、CAAT盒等顺式作用元件结合的上游因子（upstream factor），与远隔调控序列如增强子等结合的反式作用因子，以及在某些特殊生理或病理情况下被诱导产生的可诱导因子（inducible factor）的参与。
- 不同物种、不同细胞或不同的基因，转录起始点上游都有不同的特异DNA序列，包括启动子、增强子等，统称为顺式作用元件(cis-acting element)。

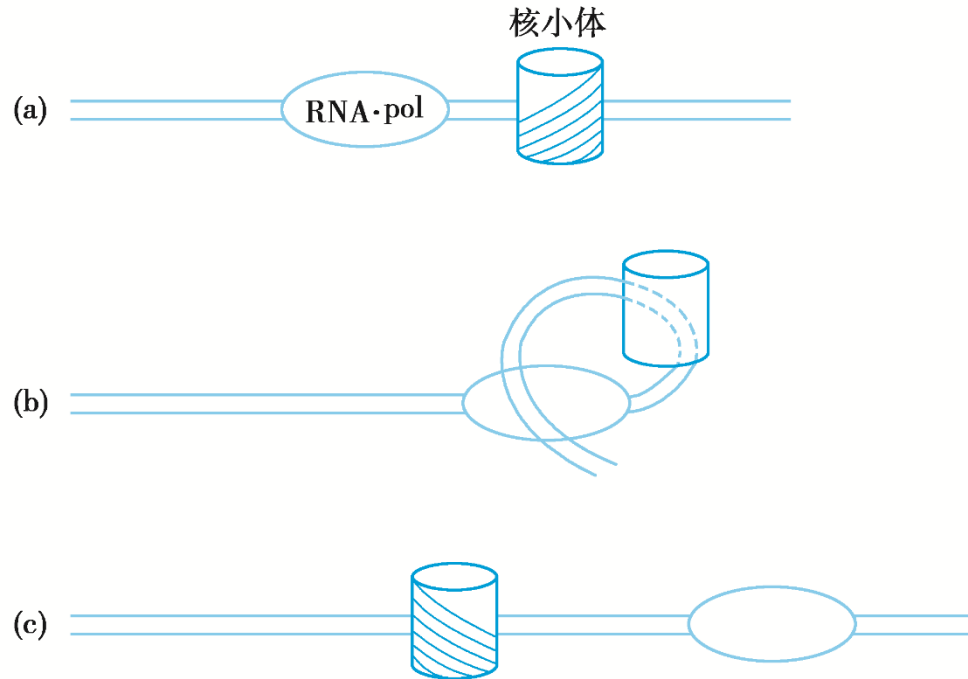


(二) 少数几个反式作用因子的搭配启动特定基因的转录

- 为了保证转录的准确性，不同基因需不同转录因子。
- 少数几个反式作用因子的搭配启动特定基因的转录：少数几个反式作用因子（主要是可诱导因子和上游因子）之间互相作用，再与基本转录因子、RNA聚合酶搭配而有针对性地结合、转录相应的基因。可诱导因子和上游因子常常通过辅激活因子或中介子与基本转录因子、RNA聚合酶结合，但有时也可直接与基本转录因子、RNA聚合酶结合。

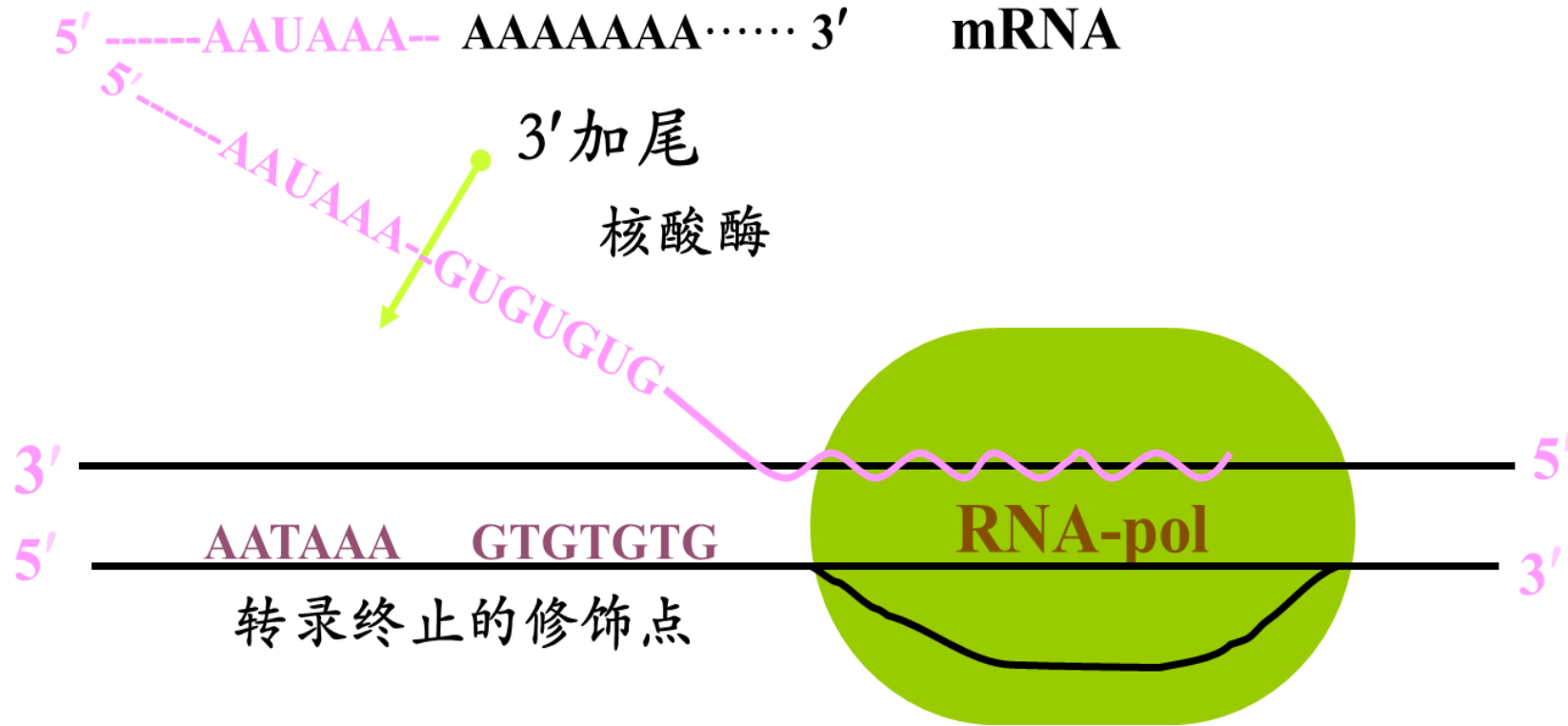
三、真核生物转录延长过程中没有转录与翻译同步的现象

转录延长中的核小体移位



- 真核生物转录延长过程与原核生物大致相似，但因有核膜相隔，没有转录与翻译同步的现象。
- RNA-pol前移处处都遇上核小体。
- 转录延长过程中可以观察到核小体移位和解聚现象。

四、真核生物的转录终止和加尾修饰同时进行



- 真核生物的转录终止，是和转录后修饰密切相关的。
- 真核生物mRNA有聚腺苷酸(poly A)尾巴结构，是转录后才加进去的。
- 转录不是在poly A的位置上终止，而是超出数百个乃至上千个核苷酸后才停顿。已发现，在读码框架的下游，常有一组共同序列AATAAA，再下游还有相当多的GT序列。这些序列称为转录终止的修饰点。



第四节

真核生物RNA前体的加工和降解

The Processing and Degradation of Eukaryotic RNA



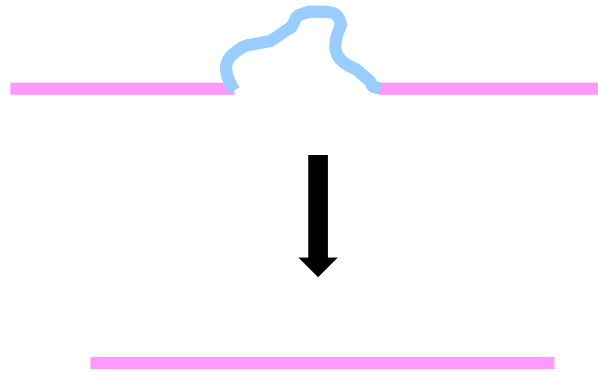
人民卫生出版社

PEOPLE'S MEDICAL PUBLISHING HOUSE

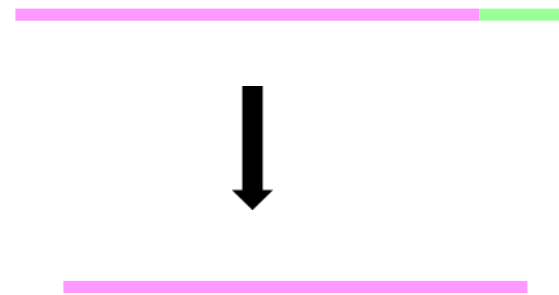


几种主要的RNA转录后加工或修饰方式

1. 剪接(splicing)



2. 剪切(cleavage)



3. 修饰(modification)

4. 添加(addition)

5. RNA编辑(RNA editing)



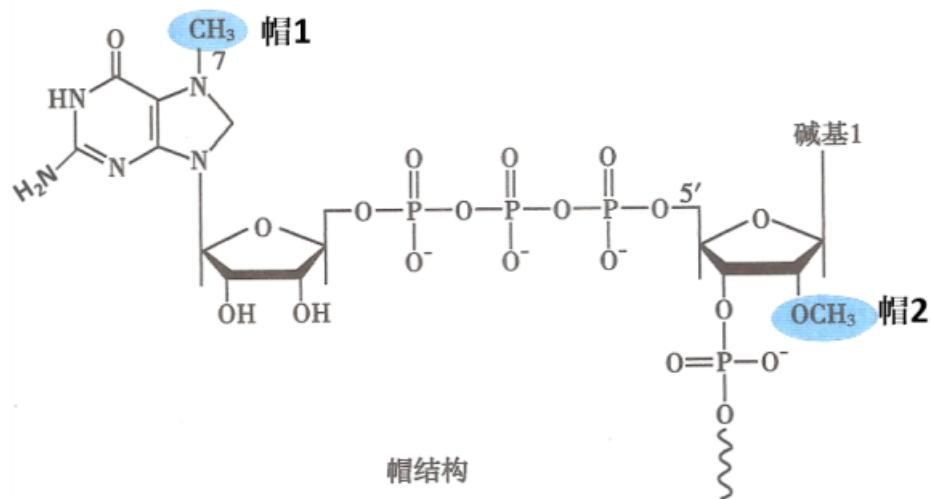
一、核不均一RNA经首、尾修饰和剪接后成为mRNA

- 真核生物mRNA转录后，需要进行5'-端和3'-端（首、尾部）的修饰以及对hnRNA进行剪接（splicing），才能成为成熟的mRNA，被转运到核糖体，指导蛋白质翻译。

（一）前体mRNA在5'-末端加入“帽”结构

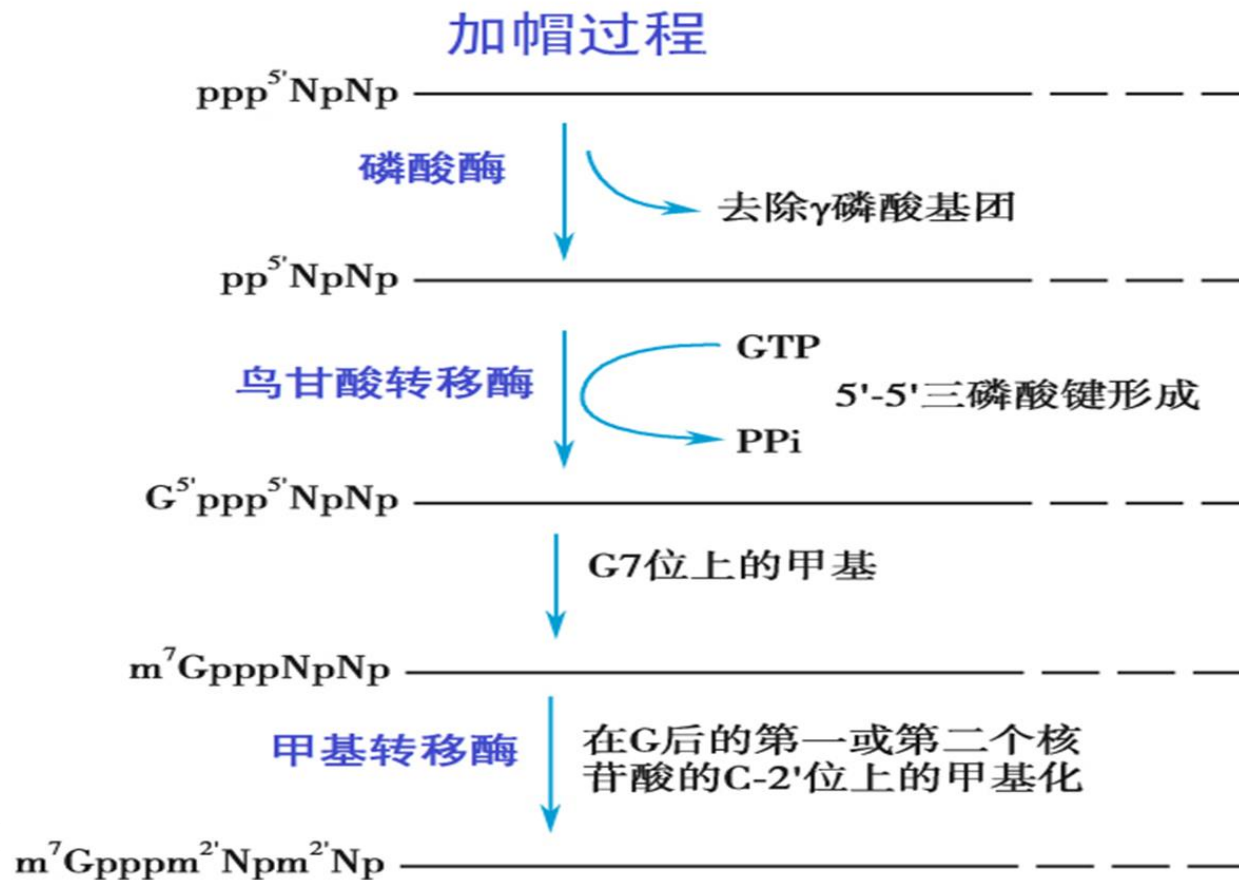
- 大多数真核mRNA的5'-末端有7-甲基鸟嘌呤的帽结构。
- 这个真核mRNA加工过程的起始步骤由两种酶，加帽酶(capping enzyme)和甲基转移酶(methyltransferase)催化完成。

帽结构的形成过程



帽结构的意义

- 使mRNA免遭核酸酶的攻击
- 与帽结合蛋白质复合物(cap-binding complex of protein)结合，并参与mRNA和核糖体的结合，启动蛋白质的生物合成。



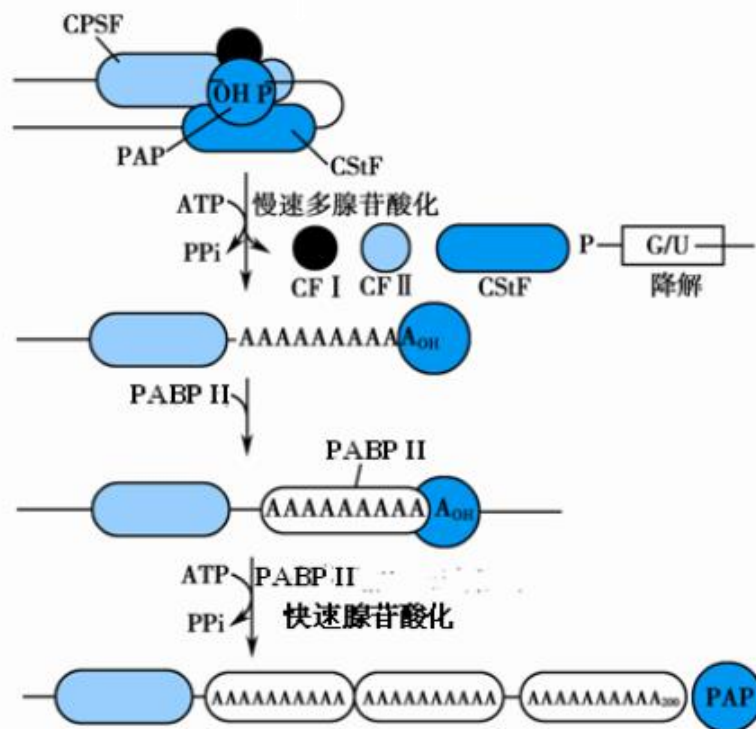
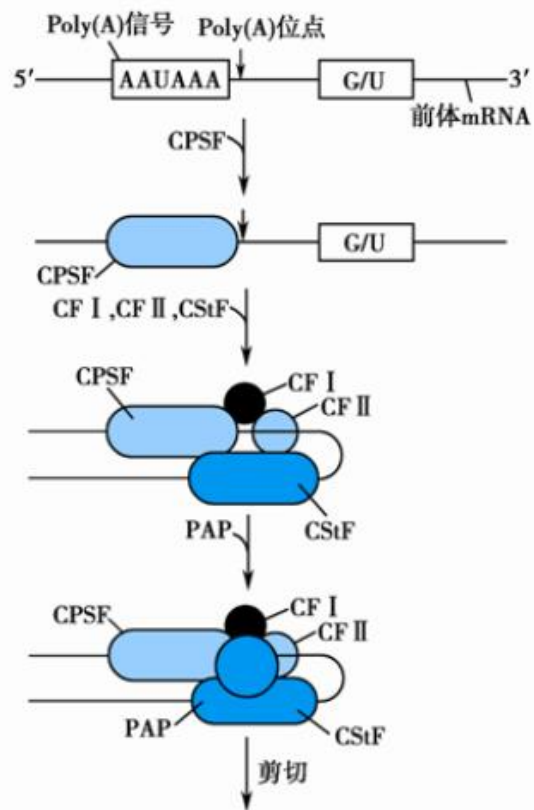


(二) 前体mRNA在3'-端特异位点断裂并加上多聚腺苷酸尾

尾部修饰是和转录终止同时进行的过程

- poly A的有无与长短，是维持mRNA作为翻译模板的活性，以及增加mRNA本身稳定性的因素
- 一般真核生物在胞浆内出现的mRNA，其poly A长度为100至200个核苷酸之间，也有少数例外
- 前体mRNA分子的断裂和加多聚腺苷酸尾是多步骤过程。

前体mRNA分子的断裂和加多聚腺苷酸尾是多步骤过程



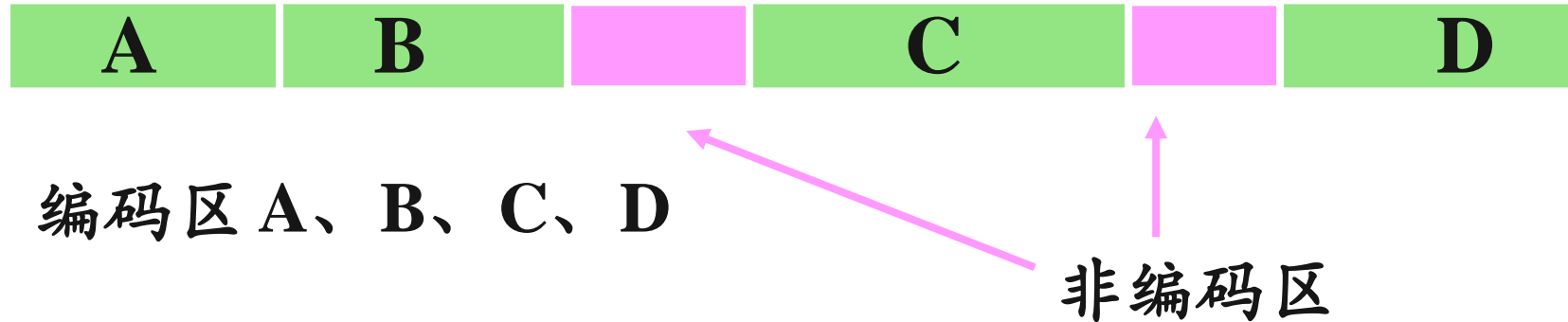


(三) 前体mRNA的剪接主要是去除内含子

- 核内的初级mRNA称为杂化核RNA (hetero-nuclear RNA, hnRNA),也被称为前体mRNA(pre-mRNA)。
- 在细胞核内出现的初级转录物的分子量往往比在胞质内出现的成熟mRNA大几倍,甚至数十倍。核酸序列分析证明, mRNA来自hnRNA, 而hnRNA和DNA模板链可以完全配对。
- 去除初级转录物上的内含子, 把外显子连接为成熟RNA的过程称为mRNA剪接 (mRNA splicing)。
- 前体mRNA的剪接由剪接体完成。
- 剪接体是由5种小核RNA (small nuclear RNA, snRNA) 和大约100种蛋白质组成。

snRNA } 小分子核糖核酸蛋白体
核内的蛋白质 } (并接体, spliceosome)

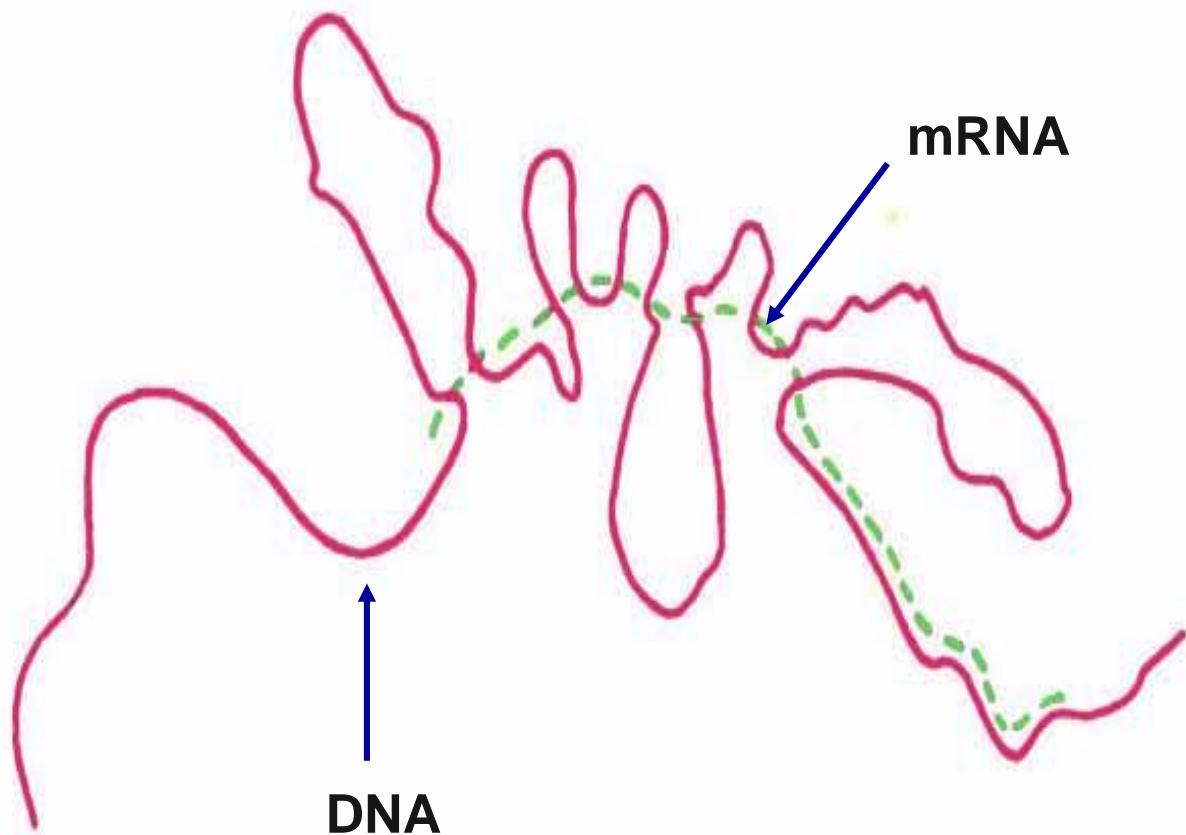
断裂基因



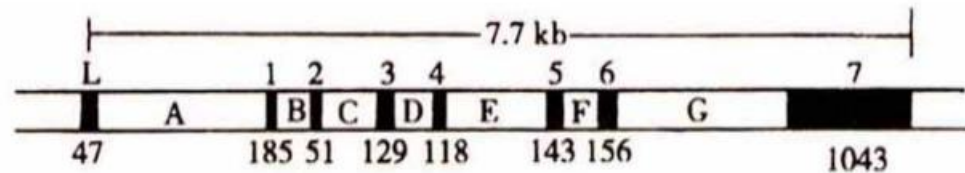
- 断裂基因：真核生物结构基因，由若干个编码区和非编码区互相间隔开但又连续镶嵌而成，去除非编码区再连接后，可翻译出由连续氨基酸组成的完整蛋白质，这些基因称为断裂基因(split gene)。
- 外显子：在断裂基因及其初级转录产物上出现，并表达为成熟RNA的核酸序列，称为外显子 (exon)。
- 内含子：隔断基因的线性表达而在剪接过程中被除去的核酸序列称为内含子 (intron)。

鸡卵清蛋白基因及其转录、转录后修饰

鸡卵清蛋白成熟mRNA与DNA杂交电镜



鸡卵清蛋白
基因



hnRNA



首、尾修饰



hnRNA剪接

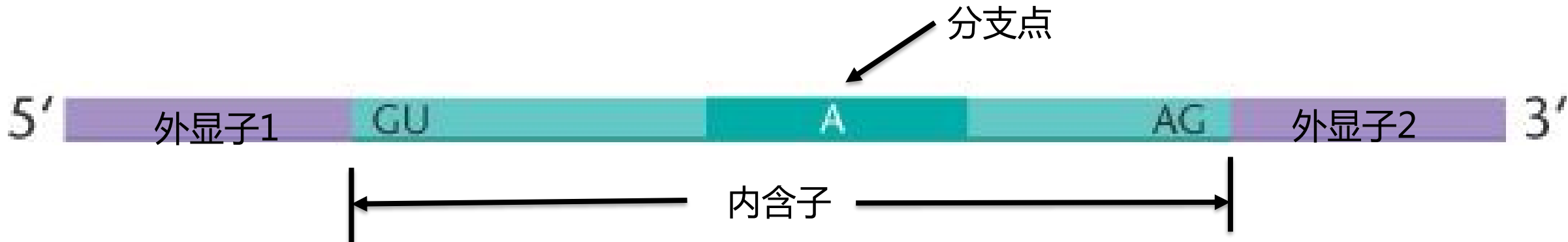


成熟的mRNA

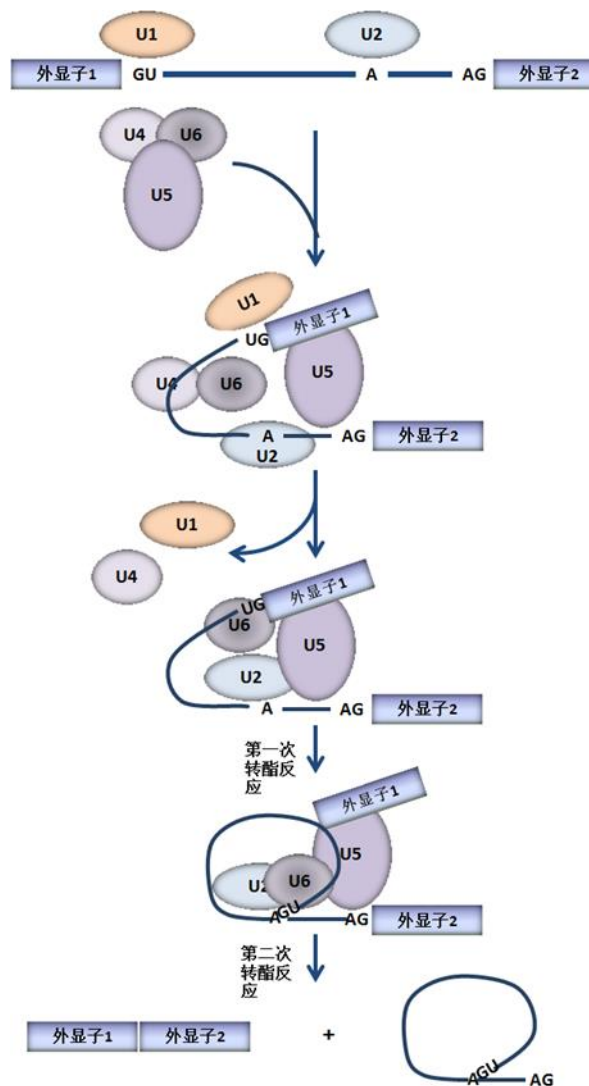
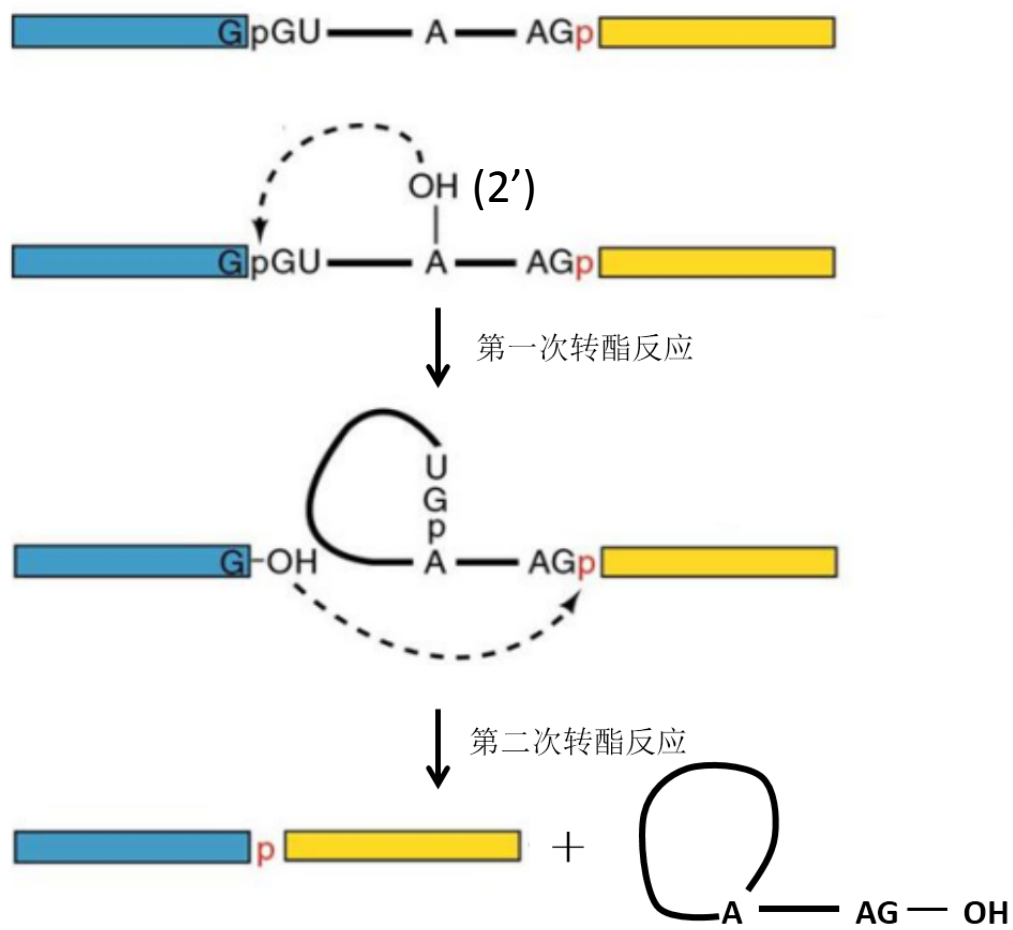


内含子的序列特点

- ▶ 初级转录产物含有可被剪接体所识别的特殊序列，其内含子两端存在一定的序列保守性。
- ▶ 内含子含有 5' 剪接位点(5' splice site)、3' 剪接位点(3' splice site)和内含子内的剪接分支点(branch point)。
- ▶ 大多数内含子都以GU为5'端的起始，而其末端则为AG-OH-3'。5'GU.....AG-OH-3'称为剪接接口 (splicing junction) 或边界序列。
- ▶ 剪接分支点多为腺苷核苷酸。剪接分支点有助于内含子形成套索RNA而被剪除。



剪接过程需要两次转酯反应和5种小核RNA(snRNA)的参与



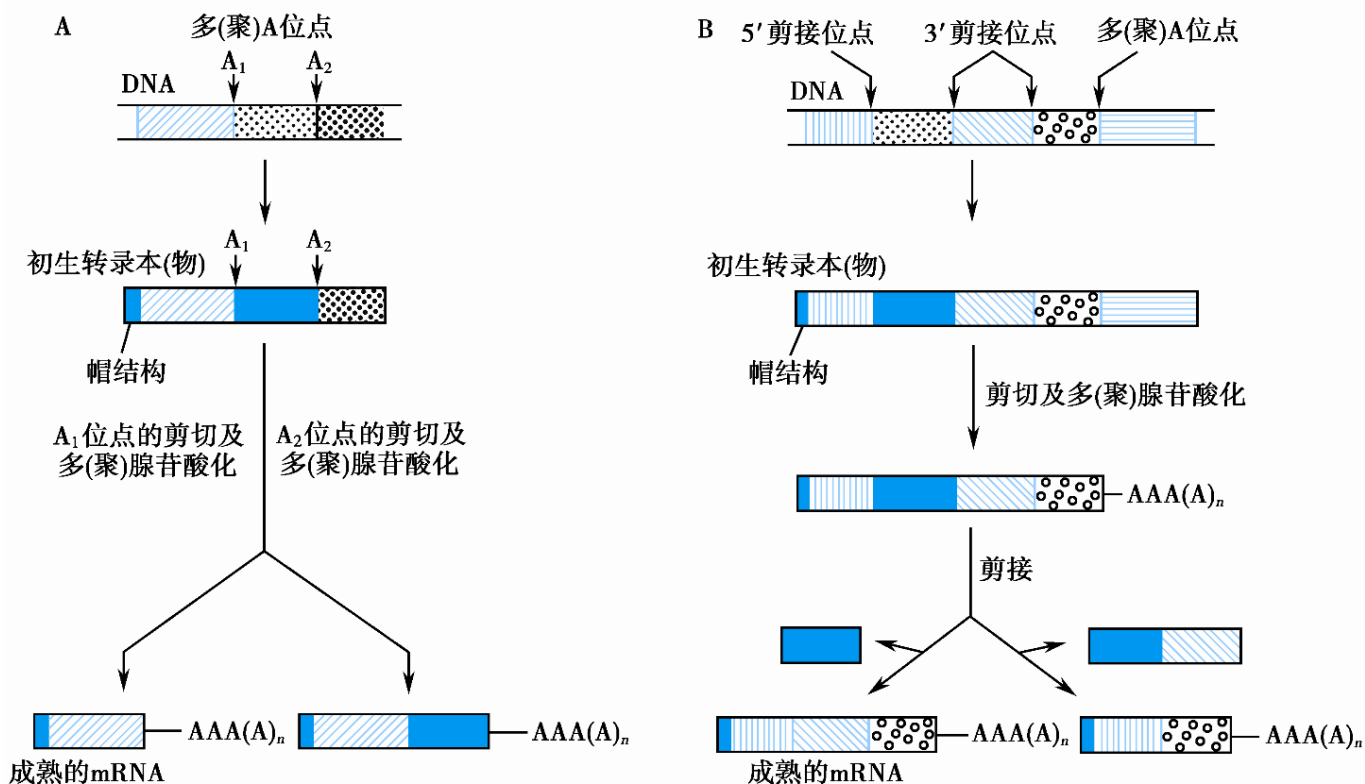


前体mRNA分子有剪切和剪接两种模式

- 前体mRNA分子的加工除上述剪接外，还有一种剪切（cleavage）模式。
- 剪切指的是剪去某些内含子后，在上游的外显子3'-端直接进行多聚腺苷酸化，不进行相邻外显子之间的连接反应。
- 剪接是指剪切后又将相邻的外显子片段连接起来，然后进行多聚腺苷酸化。

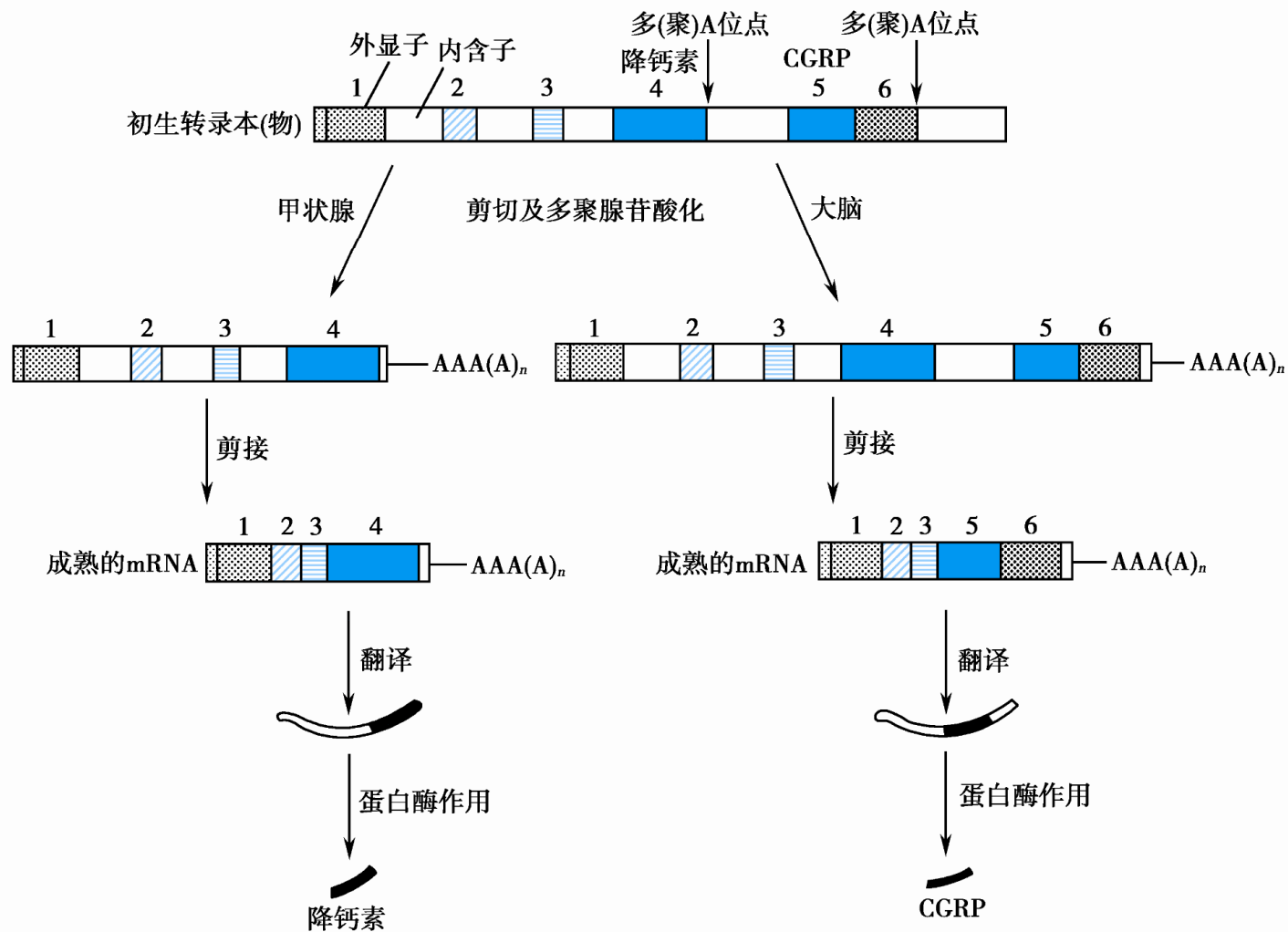
前体mRNA分子可发生可变剪接

真核细胞基因的前体mRNA交替加工的两种机制



许多前体mRNA分子经过加工只产生一种成熟的mRNA，翻译成相应的一种多肽；有些则可剪切或（和）剪接加工成结构有所不同的mRNA，这一现象称为可变剪接（alternative splicing），又称选择性剪接。

大鼠降钙素基因转录本的可变剪接



CGRP: 降钙素基因相关蛋白



(四) mRNA编辑是对基因的编码序列进行转录后加工

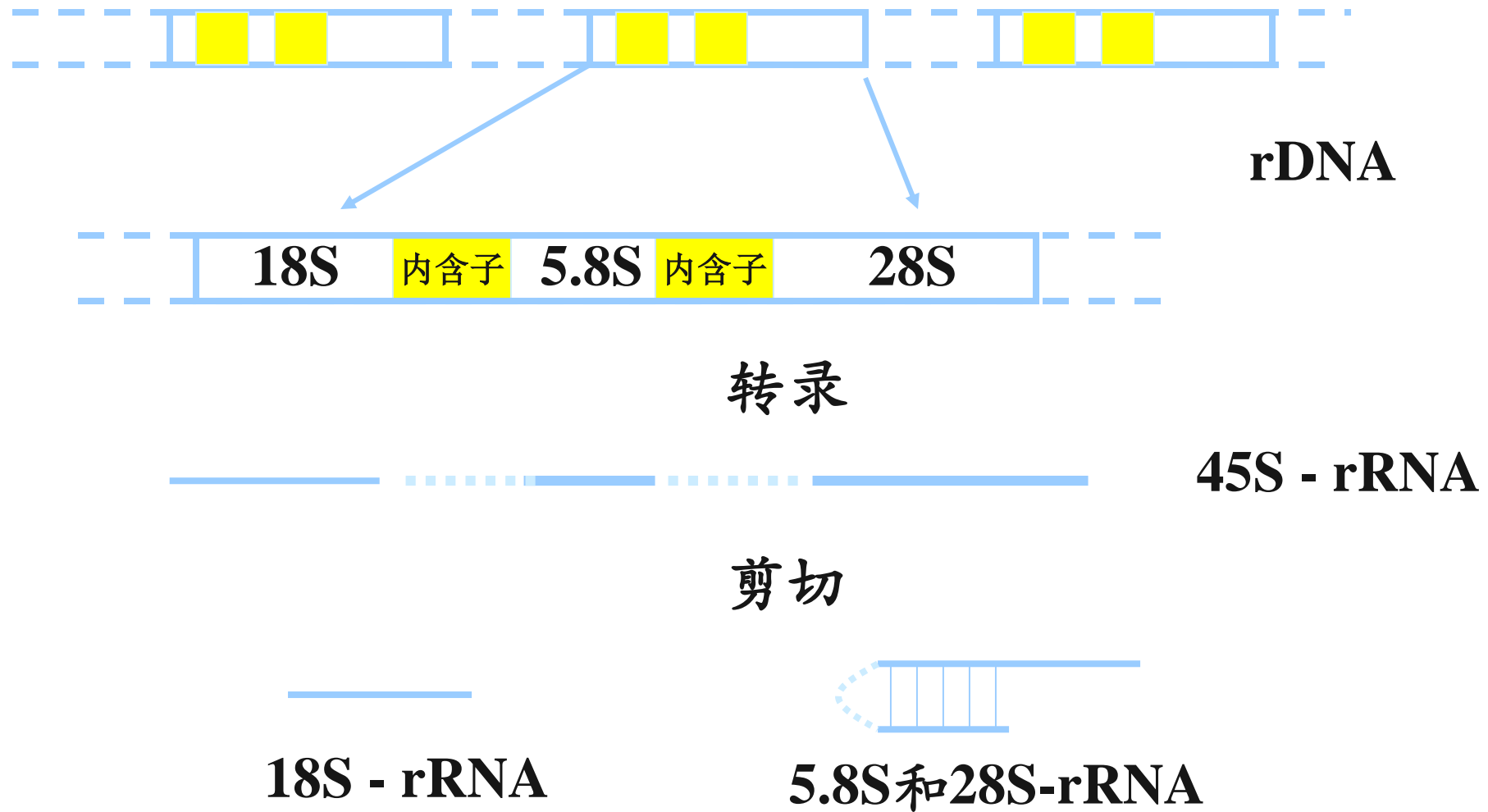
- 有些基因的蛋白质产物的氨基酸序列与基因的初级转录物序列并不完全对应，mRNA上的一些序列在转录后发生了改变，称为RNA编辑 (RNA editing)。
- RNA编辑作用说明，基因的编码序列经过转录后加工，是可有多种用途分化的，因此也称为分化加工 (differential RNA processing)。

*APOB*基因的mRNA在肝和肠黏膜编码不同多肽链

人肝细胞 (ApoB ₁₀₀)	5'---	C A A	C U G	C A G	A C A	U A U	A U G	A U A	C A A	U U U	G A U	C A G	U A U	---	3'
		- Gln -	Leu -	Gln -	Thr -	Tyr -	Met -	Ile -	Gln -	Phe -	Asp -	Gln -	Yyr -		
人肠上皮细胞 (ApoB ₄₈)	---	C A A	C U G	C A G	A C A	U A U	A U G	A U A	U A A	U U U	G A U	C A G	U A U		
		- Gln -	Leu -	Gln -	Thr -	Tyr -	Met -	Ile -	Stop						
氨基酸残基数		2146		2148		2150		2152		2154		2156			

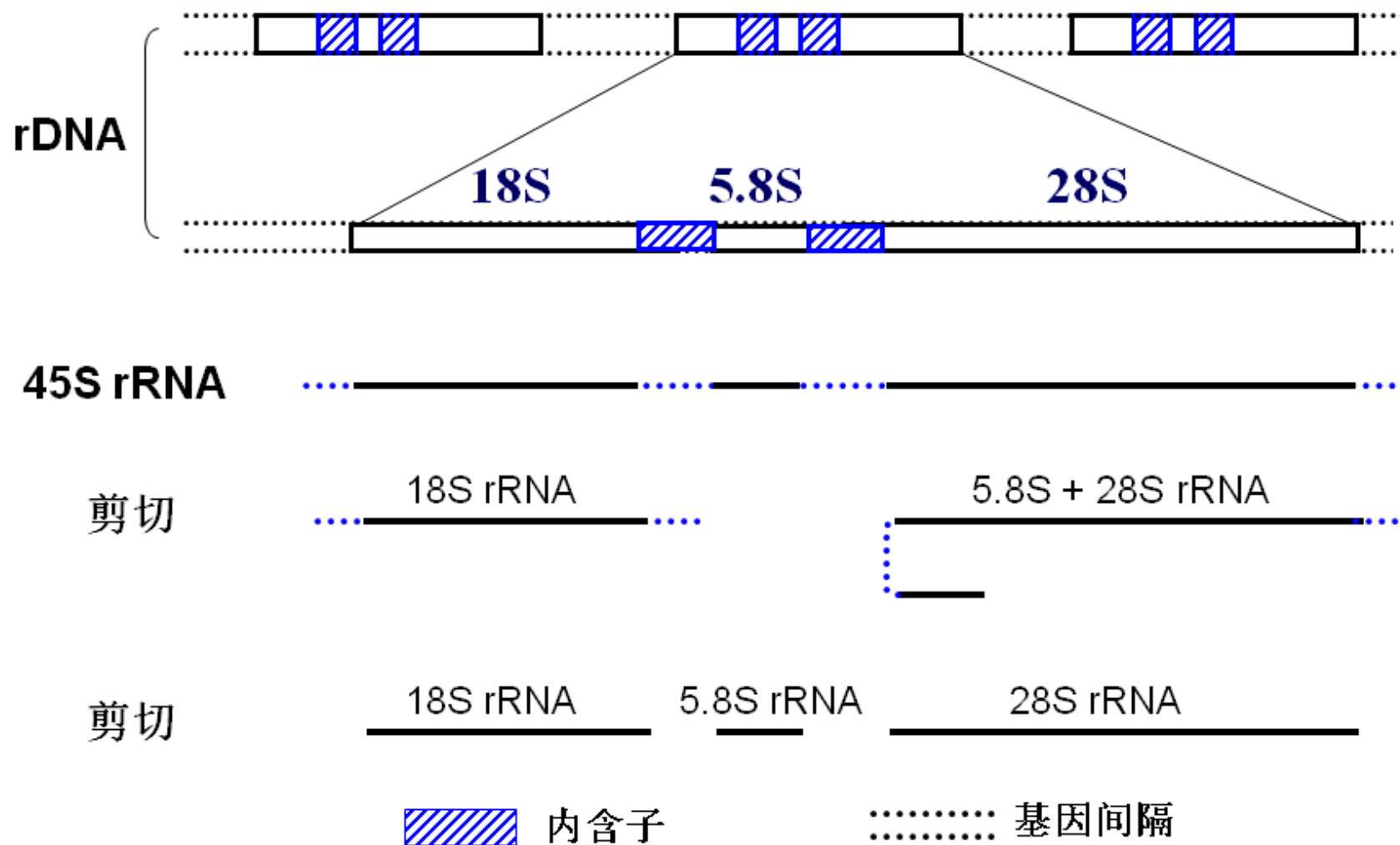


二、真核rRNA前体经过剪接形成不同类别的rRNA

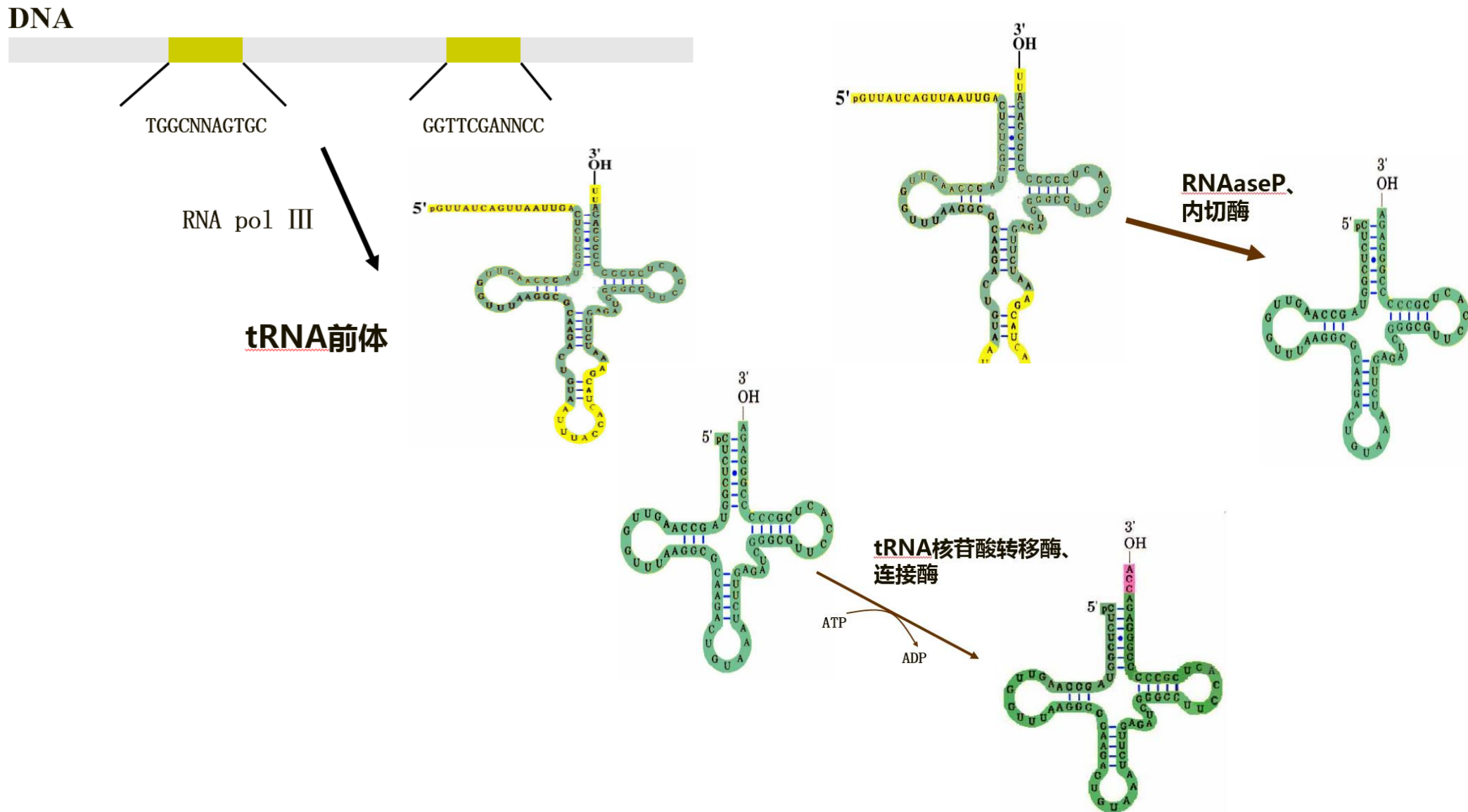


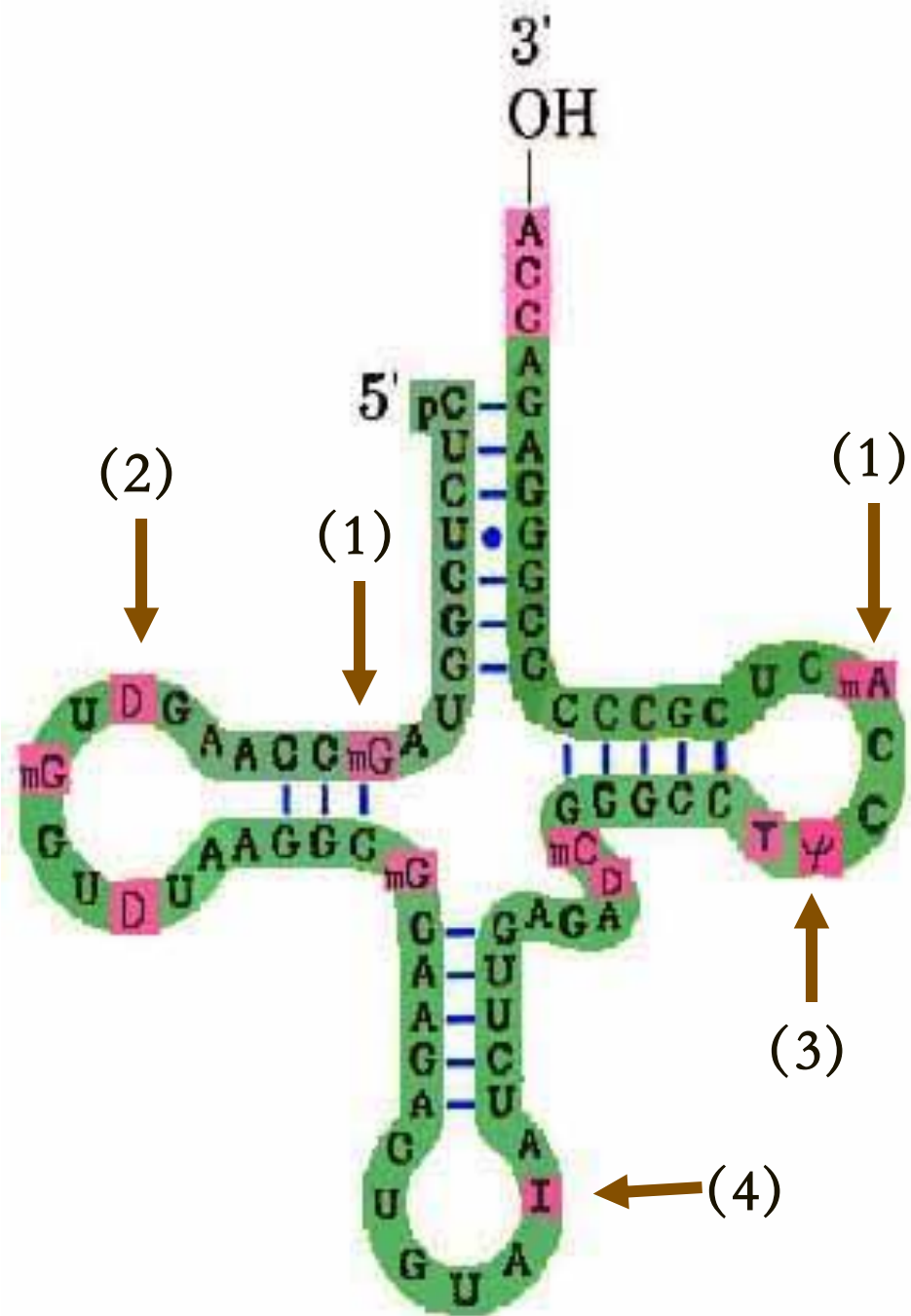


真核前体rRNA转录后的剪切



三、真核生物前体tRNA的加工包括核苷酸的碱基修饰





碱基修饰

- (1) 甲基化
如: $A \rightarrow A^m$
- (2) 还原反应
如: $U \rightarrow \text{DHU}$
- (3) 核苷内的转位反应
如: $U \rightarrow \psi$
- (4) 脱氨反应
如: $A \rightarrow I$



四、RNA催化一些内含子的自剪接

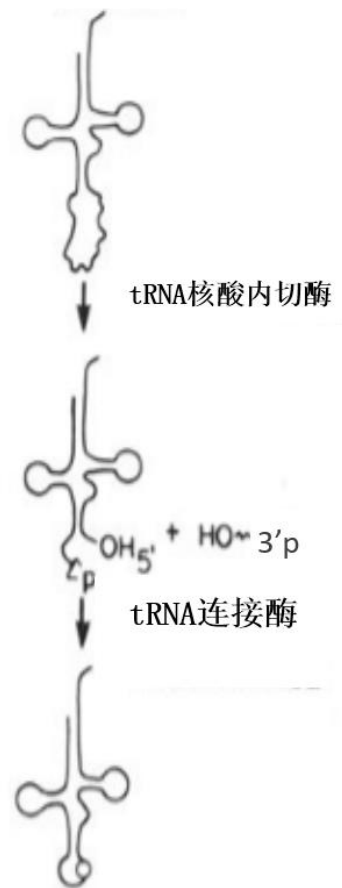
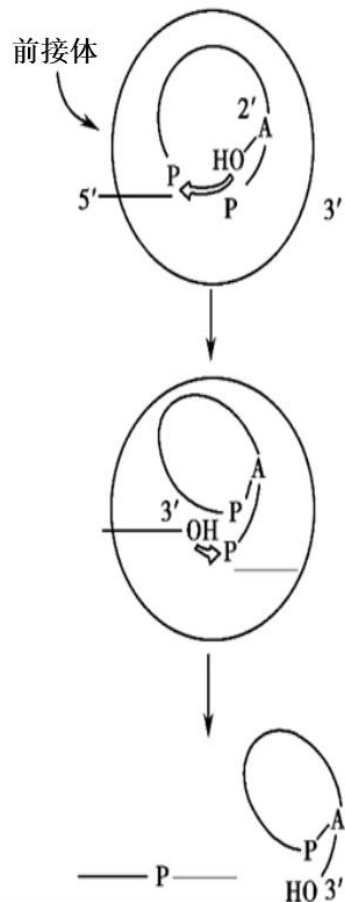
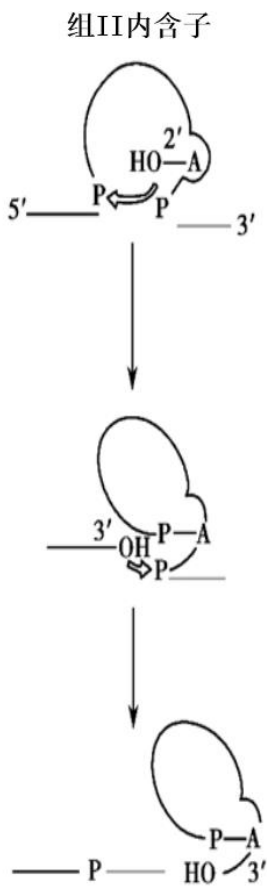
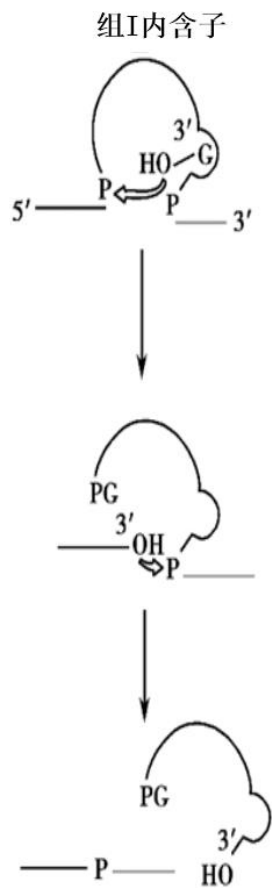
1982年美国科学家T. Cech和他的同事发现四膜虫（*tetrahymena thermophilic*）编码rRNA前体的DNA序列含有间隔内含子序列，并且在没有任何来自四膜虫的蛋白质情况下，rRNA前体能准确地剪接去除内含子。这种由RNA分子催化自身内含子剪接的反应称为自剪接（self-splicing）。

I和II型内含子的剪切

RNA自我剪切型内含子

剪接体参与的内含子

酶（蛋白质）参与剪切的内含子
(如tRNA内含子)



- I型内含子: 噬菌体的mRNA前体及细菌tRNA前体也发现有这类自身剪接的内含子, 并被称之为I型内含子 (group I intron)。I型内含子以游离的鸟嘌呤核苷或鸟嘌呤核苷酸作为辅因子完成剪接。鸟嘌呤核苷或鸟嘌呤核苷酸的3'-OH与内含子的5'-磷酸共同参与转酯反应。
- II型内含子: 某些线粒体和叶绿体的mRNA前体和tRNA前体还有另一类自身剪接的内含子, 称为II型内含子。
- II型内含子和剪接体型内含子的剪切过程都形成套索状结构, 但II型内含子没有剪接体的参与。

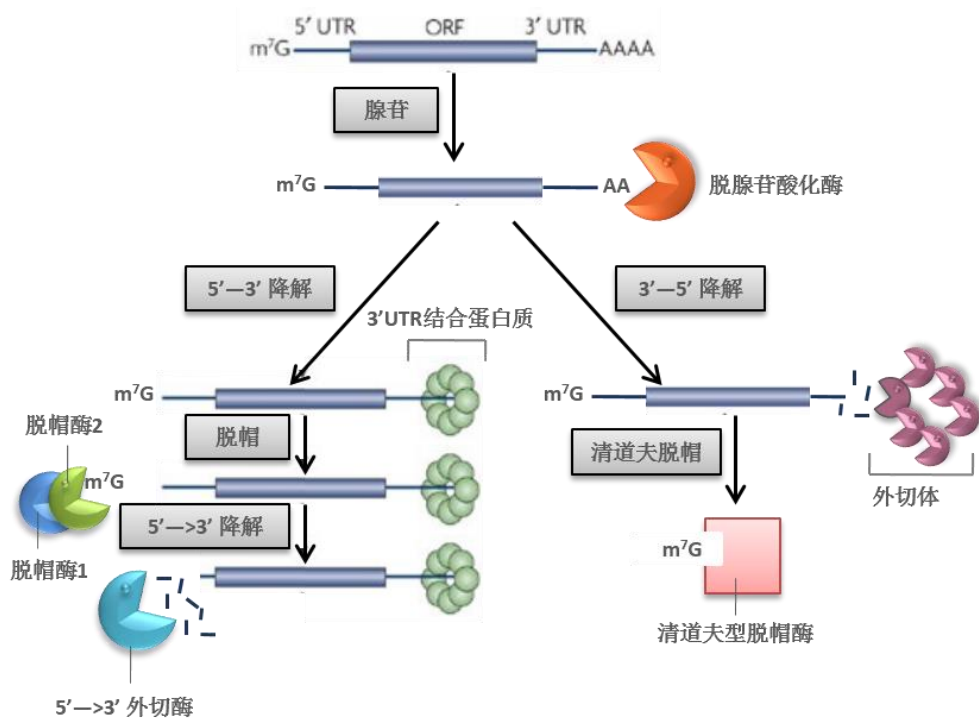


五、RNA在细胞内的降解有多种途径

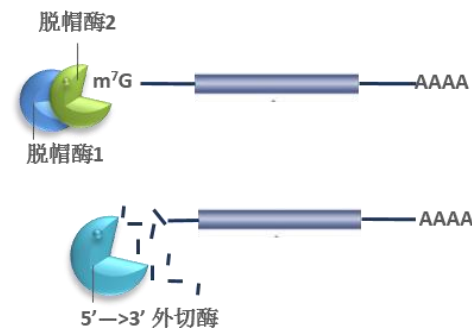
- 正常转录物和异常转录物的降解途径有一定差异。
- 正常转录物的降解途径包括依赖于脱腺苷酸化的mRNA降解和不依赖于脱腺苷酸化的mRNA 降解；
- 异常转录物的降解途径包括无义介导的mRNA 降解、无终止降解、无停滞降解和核糖体延伸介导的降解等。
- 但细胞内少部分正常mRNA也可经由无义介导的途径降解。

(一) 依赖和非依赖于脱腺苷酸化的mRNA降解

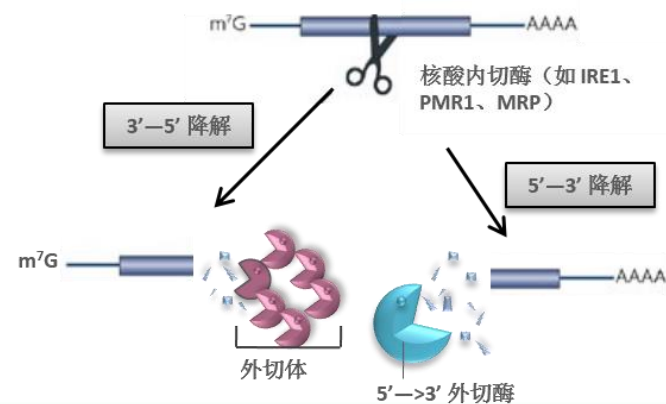
A 依赖于脱腺苷的mRNA降解



B 非依赖于脱腺苷的mRNA降解

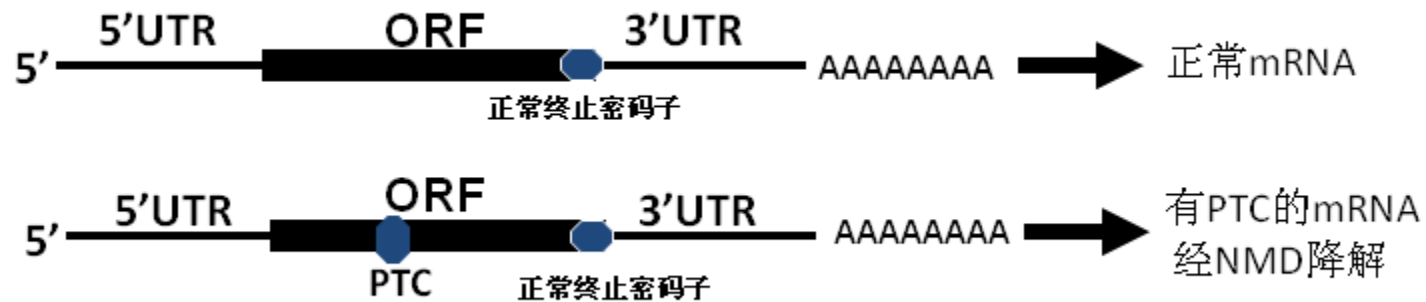


C 核酸内切酶介导的mRNA降解





(二) 无义介导的mRNA降解是重要的真核细胞mRNA质量监控机制



- 真核细胞mRNA的异常剪接可能会产生无义 (nonsense) 的终止密码子，由此产生的mRNA降解称为无义介导的mRNA降解 (nonsense-mediated mRNA decay, NMD)，是广泛存在的mRNA质量监控的重要机制。
- 那些含有提前终止密码子 (premature translational-termination codon, PTC) 的mRNA会被选择性清除。

本章小结

1. RNA pol以DNA为模板，以5'-三磷酸核苷为原料催化合成与模板互补的RNA，这个过程称为转录(transcription)。转录有起始、延长和终止几个阶段，RNA合成的方向是从5'→3'。
2. 真核细胞的核内至少具有3种RNA pol。RNA polⅡ与启动子的结合需要多种转录因子(transcription factor)的参与。
3. 真核mRNA前体的5'端加上7-甲基鸟嘌呤核苷的帽结构，3'端通过断裂及多聚腺苷酸化加上多聚腺苷酸尾结构，内含子通过剪接切除。一个前体mRNA分子可经过剪接和剪切两种模式而加工成多个mRNA分子。有些真核的rRNA、tRNA和mRNA前体含有自身剪接内含子。
4. mRNA降解是细胞保持其正常的生理状态所必需的。



人民卫生出版社

PEOPLE'S MEDICAL PUBLISHING HOUSE

谢谢观看

