

河南农业大学考研专业课《现代分子生物学》

课程试卷（含答案）

_____学年第__学期 考试类型：（闭卷）考试

考试时间： 90 分钟 年级专业_____

学号_____ 姓名_____

1、分析题（5分，每题5分）

1. 根据 A 基因序列设计原核表达引物。

A 基因序列如下：

```
ATGTCCGAAGTAATCGAAGAACATCTTCTCAGCGATAATTCTGATGATTCCAGCTCGGAAT
TGACTTCTAC······GGACGAACCACGAAGAGACGATATTAA
```

pET28a 多克隆位点如下

引物设计必须满足：要求在引物两端分别加上 BamHI（GGATCC）和 EcoRI（GAATTC）。要求表达的重组蛋白 C 端带 His 标签。

答案： 设计引物时应注意：

（1）酶切位点前后应添加 1~6 个保护碱基，以提高限制性核酸内切酶的切割效率。

（2）His 标签位于酶切位点的下游，且靠近终止密码子，且 mRNA 的翻译方向是由 N 端向 C 端，所以目的片段插入时的顺序不

倒转。

(3) 引物长度一般在 18 ~ 27bp，且与目的片段有合适的互补长度以保证引物可以顺利结合。

上游引物可为 (5'端至 3'端)：

CGCGGATCCGCGATGTCCGAAGTA。

下游引物可为 (5'端至 3'端)：

GGCCTTAAGGCCAATTATAGCAGA。

解析：

□

2、判断题 (55 分，每题 5 分) □

1. cDNA 文库是包含有细胞中所有 mRNA，因此该文库能包含细胞所有的遗传信息。() □

答案：错误 □

解析：cDNA 文库不包含有细胞中所有 mRNA，因此该文库也不能包含细胞神经细胞所有的遗传信息。cDNA 文库只是包含有特定细胞类型和发育中细胞时期的表达信息。 □

2. 蛋白质在小于等电点的 pH 溶液中，向阳极移动，而在大于等电点的 pH 溶液中，将向阴极移动。() □

答案：错误 □

解析：蛋白质在小于等电点的 pH 溶液中带正电，电泳时向阴极移动；在大于等电点的 pH 溶液中带负电，电泳时向阳极移动。 □

3. 一般情况下，质粒既可以整合到染色体上，也可以独立存在。
()

答案：错误

解析：一般情况下，质粒主要是独立存在。

4. DNA 复制时，前导链上 DNA 沿 5' → 3' 方向合成，在滞后链上则沿 3' → 5' 方向合成。()

答案：错误

解析：DNA 复制时在前导链上和滞后链上 DNA 均沿 5' → 3' 方向合成。

5. 内含子的剪切反应都不需要 ATP。()

答案：错误

解析：酵母 tRNA 和 hnRNA 内含子的剪切需要 ATP 提供能量，而 I 型和 II 型内含子的剪切不需要能量。

6. 1953 年 Watson J. D. & Crick F. H. C. 提出了操纵子模型。()

答案：错误

解析：

□

7. 端粒的序列在同一细胞各条染色体上都是相同的。()

答案：正确

解析：端粒为每个每个基因末端特化的部位，着色较深。由端粒 DNA 和端粒蛋白组成。其作用主要是防止染色体降解、粘连，抑制细胞凋亡，与细胞寿命一般来说有关。端粒 DNA 通常是由富含腺嘌呤核苷酸（G）的短片段串联重复联结序列组成，伸展到染色体的 3'端。一个基因组内的所有遗传信息，即一个细胞里不同染色体的细胞端粒都由相同的重复特征向量组成，但不同物种的染色体端粒的重复序列是迥然不同回退的。□

8. 抑癌基因突变能转变成癌基因从而致癌。（ ）□

答案：错误□

解析：抑癌基因突变会导致对癌基因的抑制作用丧失而使细胞致癌，它自身不会正式成为癌基因。□

9. 蛋白质的磷酸化和去磷酸化是可逆反应，该可逆反应是由同一种酶催化完成的。（ ）□

答案：错误□

解析：蛋白质磷酸化是由磷酸化催化的，而去磷酸化是由蛋白质磷酸酯酶催化。□

10. 在杂交之前先用凝胶电泳把粗提取物中的 RNA 或 DNA 分子进行分离，假定杂交后只有一种或少数几种大小的片段被探针杂交上了，就能肯定这种杂交是特异性的。（ ）□

答案：正确□

解析：在杂交之前先用凝胶电泳把人工授精粗提取物中的 RNA 或 DNA 分子进行分离，分离为不同大小的片段。假定杂交后只有一种或少数几种大小的片段被探针杂交上了，就能既然这种杂交是特异性选择性的。□

11. 在蛋白质合成中，起始合成时起始 tRNA 结合在核糖体的 A 位上。
() □

答案：错误□

解析：

□

3、名词解释（50分，每题5分） □

1. 基因定点突变 (sitedirected mutagenesis) □

答案：基因定点突变是指通过链式反应（PCR）等方法向目的 DNA 片段（可以是基因组，也可以是质粒）中引入所需变化（起伏通常是表征有利方向的变化），包括碱基的添加、删除、点突变等。定点突变能迅速、高效的提高 DNA 所表达的目的蛋白的性状理解及表征，是基因研究工作中一种非常有效的手段。 □

解析：空□

2. 染色体步移 (chromosome walking) □

答案：染色体步移是指由生物基因组或基因组文库中的已知序列出发逐步探知其旁邻的未知序列或和已知序列呈相对运动的目的序列的核

苷酸的技术。从第一个重组克隆插入片段的一端分离出一个片段作为探针从文库中筛选第二个重组克隆，该克隆插入含有和探针重叠顺序和染色体的其他顺序。从第三个重组克隆的插入片段再分离出末端小片段筛选重组克隆，如此重复，得到一个相邻的片段，等于在染色体上移了一步。染色体步移技术是一种重要的分子生物学研究技术，运用这种技术可以有效获取和已知序列相邻的无人知晓。□

解析：空□

3. 同工 tRNA [扬州大学 2019 研]□

答案：同工 tRNA 是指几个装载相同氨基酸的 tRNA，在一个同工 tRNA 组内，所有 tRNA 能够被一个特殊的氨酰 tRNA 合成酶识别的 tRNA，即在 3' 端接受同一种氨基酸的五种几种 tRNA，由同一种氨酰基 tRNA 合成酶的识别。同工 tRNA 的出现使得 61 种编码氨基酸的三碱基序列只特征向量对应 20 种氨基酸，也减少了突变所造成的危害。□

解析：空□

4. 核酸原位杂交□

答案：核酸原位杂交是指用标记了的已知序列的核苷酸片段作为探针，通过杂交直接在组织工作切片、细胞涂片、培养细胞爬片、或分裂中期技术染色体上检测和定位某一某类的靶核苷酸存在的技术。核酸原位杂交的生物化学基础是核酸的变性、复性和碱基互补配对结合。核酸原位杂交有 DNARNA 杂交、DNADNA 杂交和 RNARNA 杂交等。□

解析：空

5. 启动子[暨南大学 2019 研]

答案：启动子是指一段位于结构基因 5'端上游区的 DNA 序列，它含有 RNA 聚合酶特异性结合和转录起始所需的保守序列，是 RNA 聚合酶识别、结合和开始转录的位点。原核生物的启动子含有 10 区和 35 区，真核生物启动子含有 TATA 框和 CAAT 框，这些区域是启动子与 RNA 介导结合的位点。启动子与 RNA 聚合酶的融为一体结合活性的改变可以影响基因的表达量。

解析：空

6. 细菌人工染色体文库，BAC 文库 (bacterial artificial chromosome library)

答案：BAC 指一种特殊的是纯粹人工染色体，是以细菌 F 因子（细菌的性质粒）为基础组建的细菌染色体克隆为形式载体，常用来克隆 150kb 左右大小的 DNA 片段，最多可保存 300kb 个碱基对。细菌人工染色体在文库构建中具有构建文库简单、转化效率高、嵌合体少、插入片段容易、插入片段较大、在寄主细胞中插入片段稳定度好等优点。BAC 文库用于构建人、动物、植物核基因组 DNA 大片段插入文库。

解析：空

7. 起始因子（原核中 IF，真核中 eIF）

答案：起始因子（原核中 IF，真核中 eIF）是指翻译起始所必需的特异蛋白因子。与核糖体、信使核糖核酸、起始核糖核酸等组成动态翻译起始复合体。真核和原核生物翻译起始因子分别有 eIF 1~6 和 IF 1~3 等，在翻译开始之前，核糖体小亚基先与起始因子结合，然后与模板 mRNA 结合，最后与结合有氨酰 tRNA 的大的亚基结合形成起始复合物。

解析：空

8. 功能基因组学

答案：功能基因组学又称后基因组学，是指利用结构基因组所提供的信息和产物，发展战略和应用新的实验手段，通过在基因组或系统水平上全面分析基因的功能，使得生物学研究从对单一基因或蛋白质多个研究转向的基因或蛋白质同时进行系统的研究。这是在序列静态的碱基基因组弄清楚之后转入对基因组动态的生物学功能学研究。研究内容包括基因功能发现、基因表达剖析及突变检测。

解析：空

9. 可译框架、可读框（ORF）

答案：可译框架、可读框（ORF）又称开放读码框或开放阅读框，是指一组连续的含有三联密码子的能够被翻译成多肽链的 DNA 序列。它由起始酪氨酸开始，到终止密码子已经结束。可读框有可能编码一条多肽链或一种蛋白质。当没有已知蛋白质产物时，该区域被称为可读框，而当确知该可读框编码某一蛋白时，它就被称为编码区，即一

个可读框是潜在的二进制编码区。很多情况下，可读框即指某个基因的编码序列。

解析：空

10. 抗体 (antibody, Ab)

答案：淋巴细胞是指机体免疫细胞被抗原激活后，由分化明朗的终末 B 细胞（浆细胞）所合成与分泌的一类能与相应抗原特异性结合的具有免疫功能球蛋白。干扰素是重要的免疫分子，主要存在于血液、体液和黏膜分泌液中，介导体液免疫效应。抗体按其反应形式分为血凝素、沉降素、抗毒素、溶解素、调理素、中和抗体、补体结合抗体等。

解析：空

4、填空题（40分，每题5分）

1. 在通用遗传密码表中遗传密码有 64 个，其中个是编码氨基酸的密码，有个终止密码子，个起始密码子。普通密码子变成终止密码子的突变叫作突变。

答案：61|3|1|无义

解析：遗传密码是一组规章，将 DNA 或 RNA 序列以三个核苷酸为一组的密码子转译为蛋白质的氨基酸序列。在通用遗传密码表中遗传密码有 64 个，其中 61 个编码氨基酸的密码。有 3 个终止密码子，分别为 UAA、UAG、UGA。1 个起始密码子 AUG；无义突变是指由于某

个碱基的改变使代表某种氨基酸的密码子突变为终止密码子，从而而使肽链合成提前终止。□

2. 是在研究秀丽新小杆线虫反义 RNA 的过程中发现的，由介导的同源 RNA 降解过程。□

答案：RNAi|dsRNA□

解析：RNA 干扰 (RNAi) 是指在进化上高度保守的、由双链 RNA 诱发的、同源 mRNA 高效特异性降解的现象，是在研究秀丽新小杆深入研究线虫反义 RNA 的过程中发现的，由 dsRNA 介导的同源 RNA 降解过程。□

3. 真核基因表达调控在 DNA 水平的调控方式包括、和等方式。其中免疫球蛋白结构基因是方式的典型例子，非洲爪蟾的细胞中 rRNA 基因的变化是方式的典型例子。□

答案：基因丢失|基因扩增|基因重排|基因重排|卵母|基因扩增□

解析：真核基因表达调控措施在 DNA 水平的调控措施方式包括：①基因丢失，如人类 5 号染色体短臂缺失；②基因扩增，如非洲爪蟾的卵母细胞中 rRNA 基因的变化；③基因重排，如免疫球蛋白结构基因。□

4. 蛋白质的生物合成中，每增加一个氨基酸要消耗个高能键。□

答案：4□

解析：首先，核酸活化形成氨酰 tRNA，需要使 ATP 变为 AMP，此步消耗两个。其次，进位与移位各需要一个 GTP，成肽只需肽酶催

化即可。因此，每增加一个氨基酸可以近似的认为需要四个高能磷酸键。□

5. 真核生物的 mRNA 加工过程中，5' 端加上，在 3' 端加上，后者由催化。如果被转录基因是不连续的，那么一定要被切除，并通过过程将连接在一起。这个过程涉及许多 RNA 分子，如 U1 和 U2 等，它们被统称为。它们分别与一组蛋白质结合形成，并进一步地组成 40S 或 60S 的结构，称为。□

答案：帽子结构|多聚腺苷酸尾巴|polyA 聚合酶|内含子|RNA 剪接|外显子|snRNA|snRNP|剪接体□

解析：原核生物转录形成的 mRNA 可能需要经过一系列的加工才能形成成熟已经形成的 mRNA，主要包括：①5' 后端加上帽子的结构；②3' 端的加上多聚腺苷酸尾巴，由 polyA 聚合酶催化；③外显子和内含子的剪接：内含子被切除，外显子通过 RNA 剪接过程连接在试着。在此过程中涉及的 RNA 分子（如 U1 和 U2 等）被统称为 snRNA，它们分别与一组蛋白质结合形成 snRNP，并进一步地组成 40S 或 60S 的结构叫作剪接体。□

6. 在切口移位标记探针时，DNaseI 处理 DNA 的温度应控制在，温度过高会使，不利于标记。□

答案：14 ~ 16°C|DNase I 的活性增强、导致切口过多、使 DNA 探针的长度变短□

解析：切口平移法是合成探针标记的方法之一，即利用微量的 DNaseI 使待标记的双链 DNA 核酸产生若干切口，然后利用 DNaseI 的 5'→3' 外切酶活性从切口的 5 端除去核苷酸；同时 DNaseI 还有 5'→3' 的聚

合酶活性可将反应体系中的核苷酸底物连接到切口的 3'羟基末端。由于在切去核苷酸的同时又在切口的 3'端补上核苷酸，从而使切口沿着 DNA 链移动，此时若反应运行机制中含有掺入标记的核苷酸，它们就会制备掺入到新合成的链中，获得带有标记的 DNA 探针。在此过程中需要注意 DNaseI 处理 DNA 的温度应控制在 14 ~ 16°C，温度过高会使 DNase I 的活性增强、导致切口过多、使 DNA 探针的长度变短，不利于标记。□

7. 一个两股链都带放射性的 DNA 分子，在无放射性标记物的体系中，经两次复制，其产生的子代 DNA 分子中，有个 DNA 分子不带放射性。□

答案：2□

解析：DNA 复制为半保留复制。一次复制后，子代产物中四条链中两条带有放射性，两条不带。经过两次复制，产生的八条链中只有两条带有放射性。因此，由 2 个 DNA 分子不带放射性。□

8. 在 DNA 合成过程中改变 DNA 分子超螺旋构型的酶是。□

答案：拓扑异构酶□

解析：DNA 拓扑异构酶是胞内酶，能够催化 DNA 链的断裂和结合，从而控制 DNA 的拓扑状态。□

5、简答题（35 分，每题 5 分）□

1. 用琼脂糖凝胶电泳分离制备质粒，分出三条带。请设计实验，判断何者是开环 DNA，何者为线性 DNA，何者为闭环 DNA。□

答案： 用琼脂糖凝胶电泳分离制备质粒，分出三条带。判断开环 DNA，线性 DNA，闭环 DNA 的实验设计如下：

(1) 从电泳凝胶中所回收三种 DNA 分子。

(2) 先把三种 DNA 分子通过碱变性和复性，再以把它们转化宿主菌。

(3) 在选择平板上长菌落的为闭环 DNA，其他的为开环 DNA 和线性的 DNA 分子。

(4) 用限制性内切酶切开环 DNA 和线性的 DNA 分子，被切成两段的为线形 DNA，另一为开环 DNA。

解析：空

2. 肽链延伸包括哪些基本过程？

答案： 肽链延伸基本等等的基本过程如下：

(1) 后续氨酰 tRNA 与核糖体结合：氨酰 tRNA 首先必须与 GTP 及 EFTu 复合物相结合，形成 AAtRNA·EFTu·GTP 复合物并与核糖体的 A 位点相结合。此时 GTP 被水解释放，形成 EFTu·GDP 复合物，进入新一轮循环。

(2) 肽键生成：肽键形成之初，两个氨基酸仍然第一组与各自的 tRNA 相结合，仍然分别位于 A 位点和 P 位点上。A 位点上的氨基酸（第二个氨基酸）中的仅一氨基作为亲核基团正离子取代了 P 位点上的 tRNA，并与起始氨基酸中的 COOH 基团形成肽键。本葡萄糖反应可能由肽胆红素催化。

(3) 移位：核糖体向 mRNA 的 3' 同方向移动一个密码子，使得

带有第二个氨基酸（现已成为二肽）的 tRNA 从 A 位进入 P 位，并使第一个 tRNA 从 P 位进入 E 位。此时模板上的第三个密码子正好在 A 位上。EFG 是核糖体的移位所必需的蛋白质激素因子，移位的能量来自另一分子 GTP 的水解。□

解析：空□

3. 在一定条件下，运用基因敲除技术敲除掉某个基因并不一定就能获知该基因的功能，试分析其原因。□

答案： 基因敲除技术又称基因打靶，是指通过一定的途径使机体特定的基因失活或缺失的技术。敲除掉某个基因并不一定就能获知该基因的功能，可能的原因如下：

（1）许多基因在功能上用是冗余的，敲除掉上如一个在功能上才冗余的基因，并扫描不了造成容易识别的表型，因为基因家族的其他领导者可以功能提供同样的功能。

（2）现有的实验技术和无法检测其功能。

（3）许多蛋白质在细胞分裂、生长和发育过程中发挥重要作用，如高等植物拟南芥有 1000 ~ 2000 个必需基因，敲除这些基因会造成配子体或早期胚的致死性，因而无法获得必需基因的纯合突变体，也就没有对必需基因的纯合突变体的表型进行评价。

（4）该基因在功能上“无用”或作用很小，以至于无法获知其具体功能。□

解析：空□

以上内容仅为本文档的试下载部分，为可阅读页数的一半内容。如要下载或阅读全文，请访问：<https://d.book118.com/268015055141006053>