

转录启动子

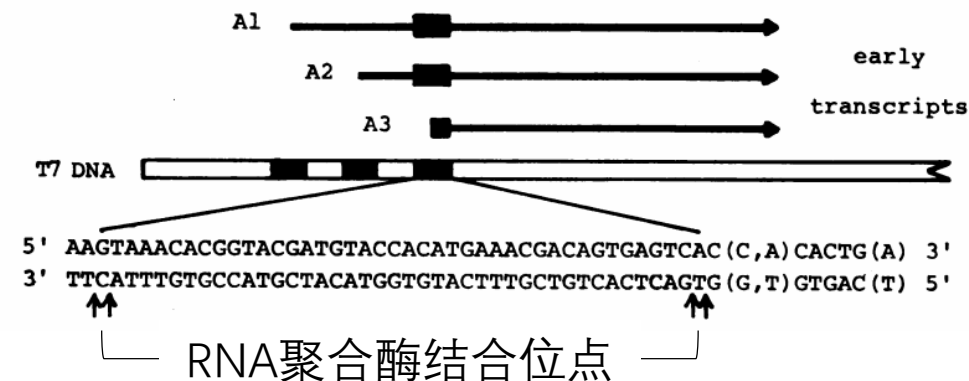
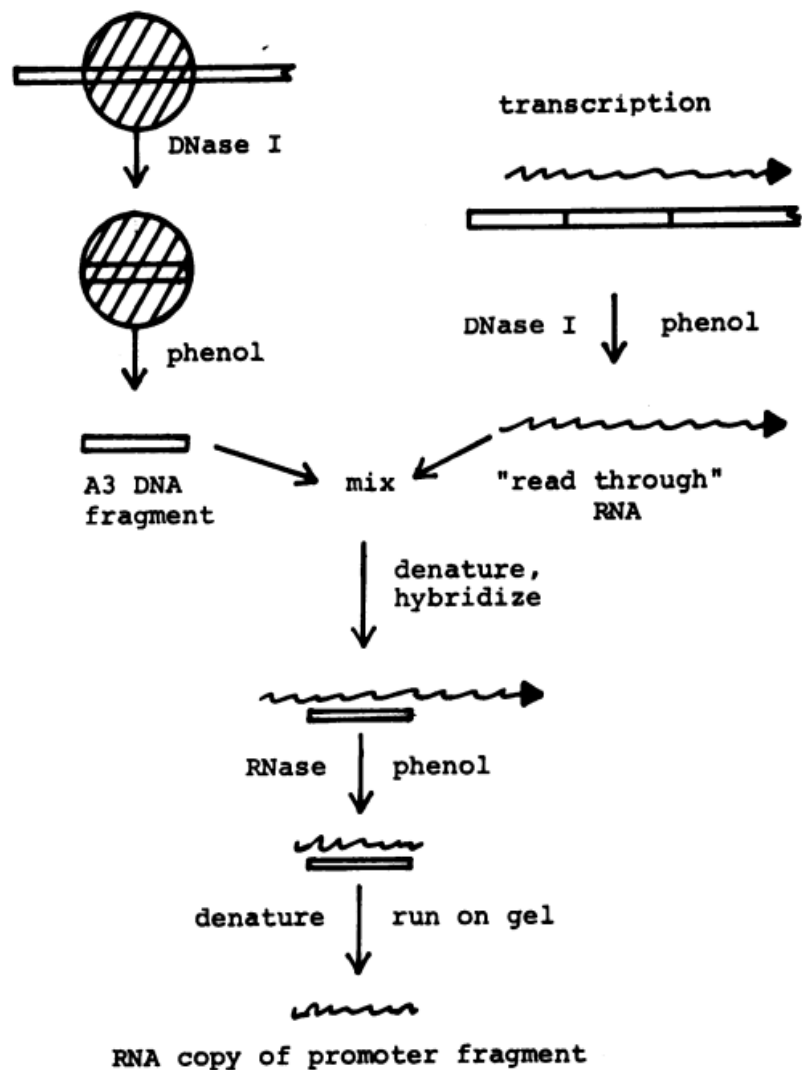
什么是转录启动子？

定义：转录启动子是DNA上一段位于结构基因上游、能被RNA聚合酶和转录调控因子等识别并结合，形成转录起始复合物的序列。

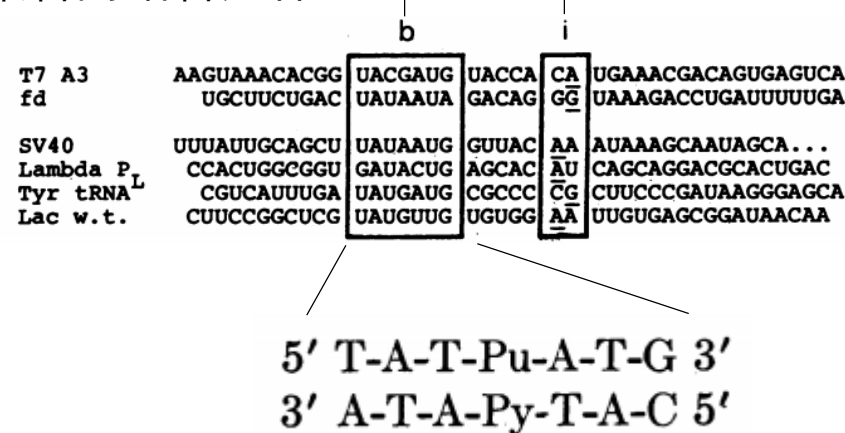
- 多位于结构基因5'端的上游
- 招募RNA聚合酶和转录调控因子
- 决定转录起始位点、方向以及表达的强度等。
- 其序列本身是“空间密码”（也称Ⅱ型密码），提供特定的遗传信息。
(注：编码区的三联体密码子也称Ⅰ型密码)

原核生物转录启动子

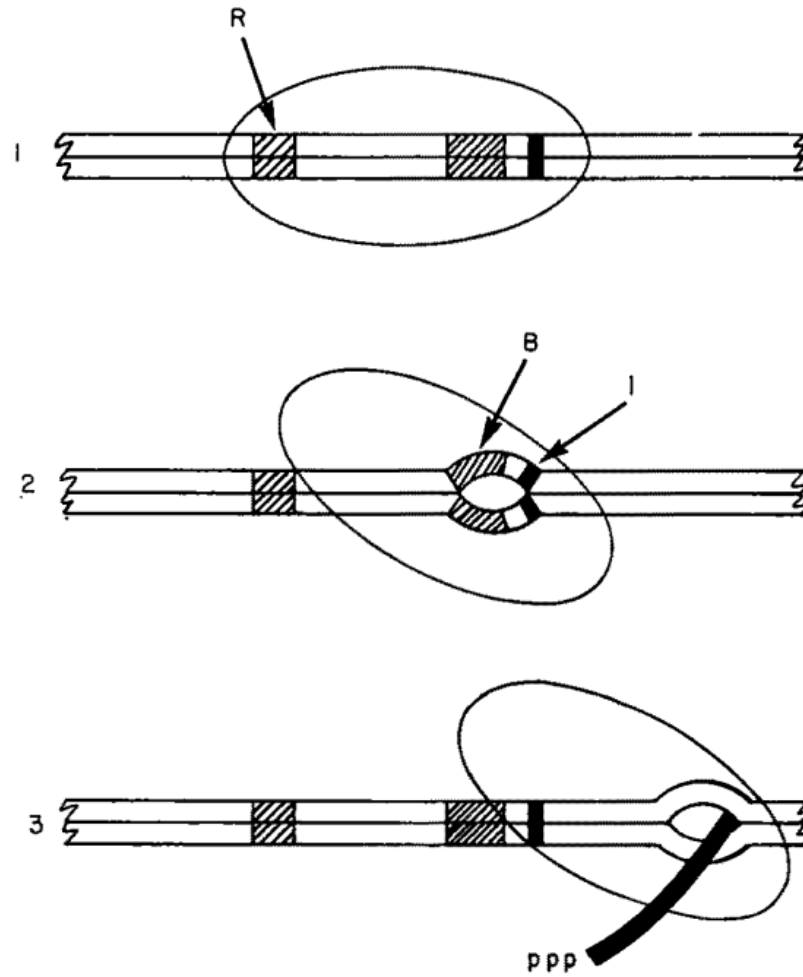
1975年, Pribnow, D. 分离T7 噬菌体A3启动序列的实验流程和主要结果

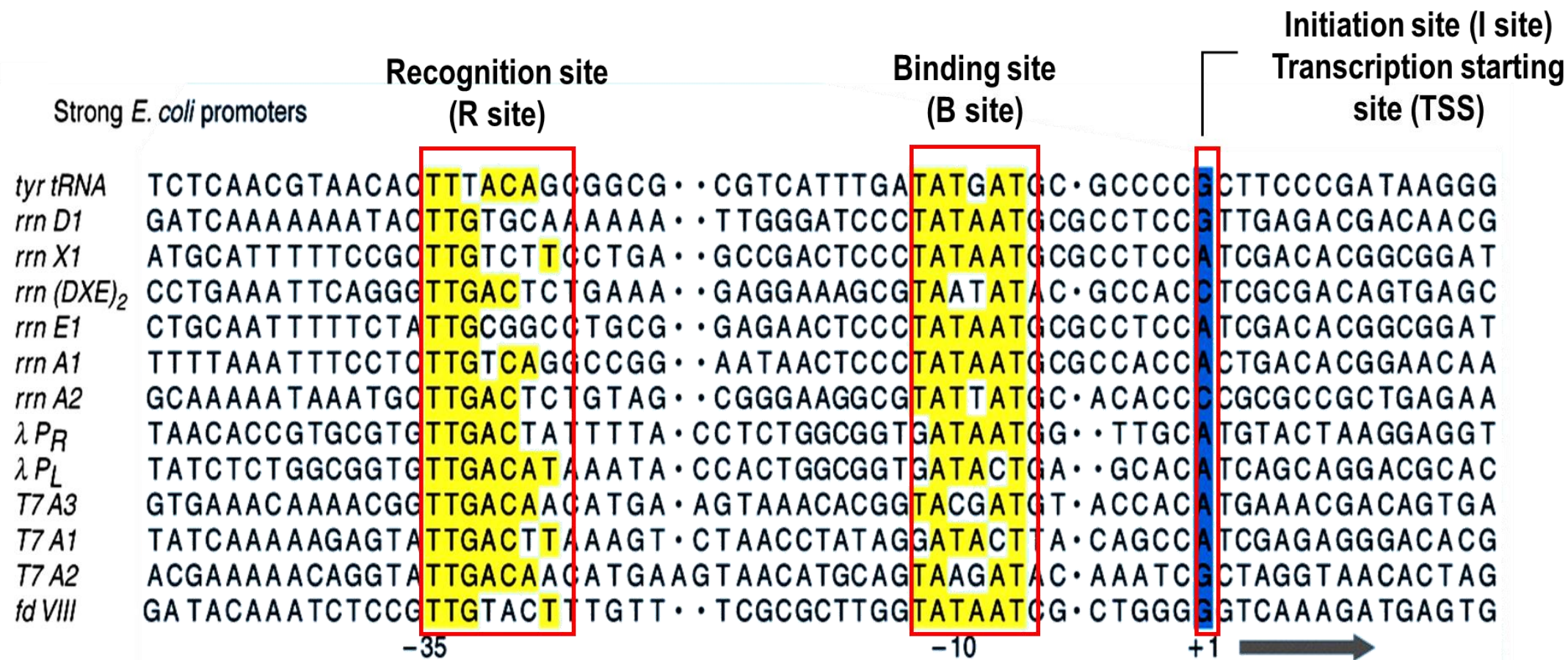


预测的RNA聚合酶结合元件 转录起点



Pribnow 推测的转录启动子和RNA聚合酶结合模型





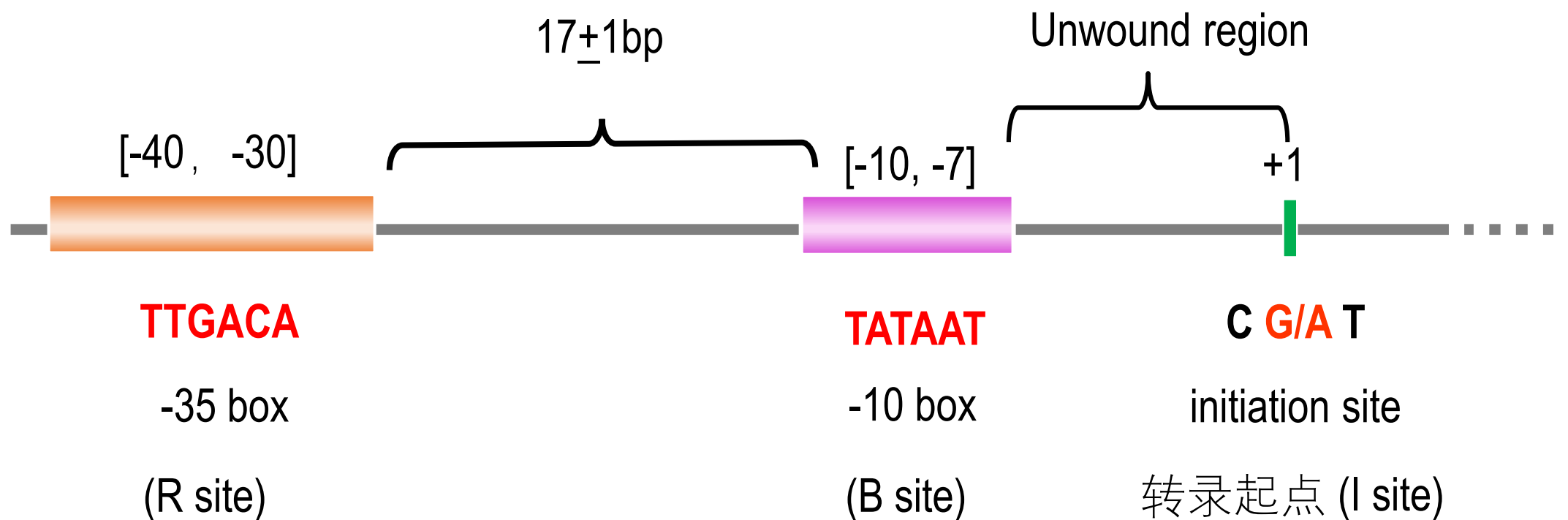
1987年, Harley C. & Reynolds R. (263个噬菌体、质粒、细菌启动子)

.....T₇₈T₈₂G₆₈A₅₈C₅₂A₅₄.....16₂₁17₅₂18₁₉.....T₈₂A₈₉T₅₂A₅₉A₄₉T₈₉.....

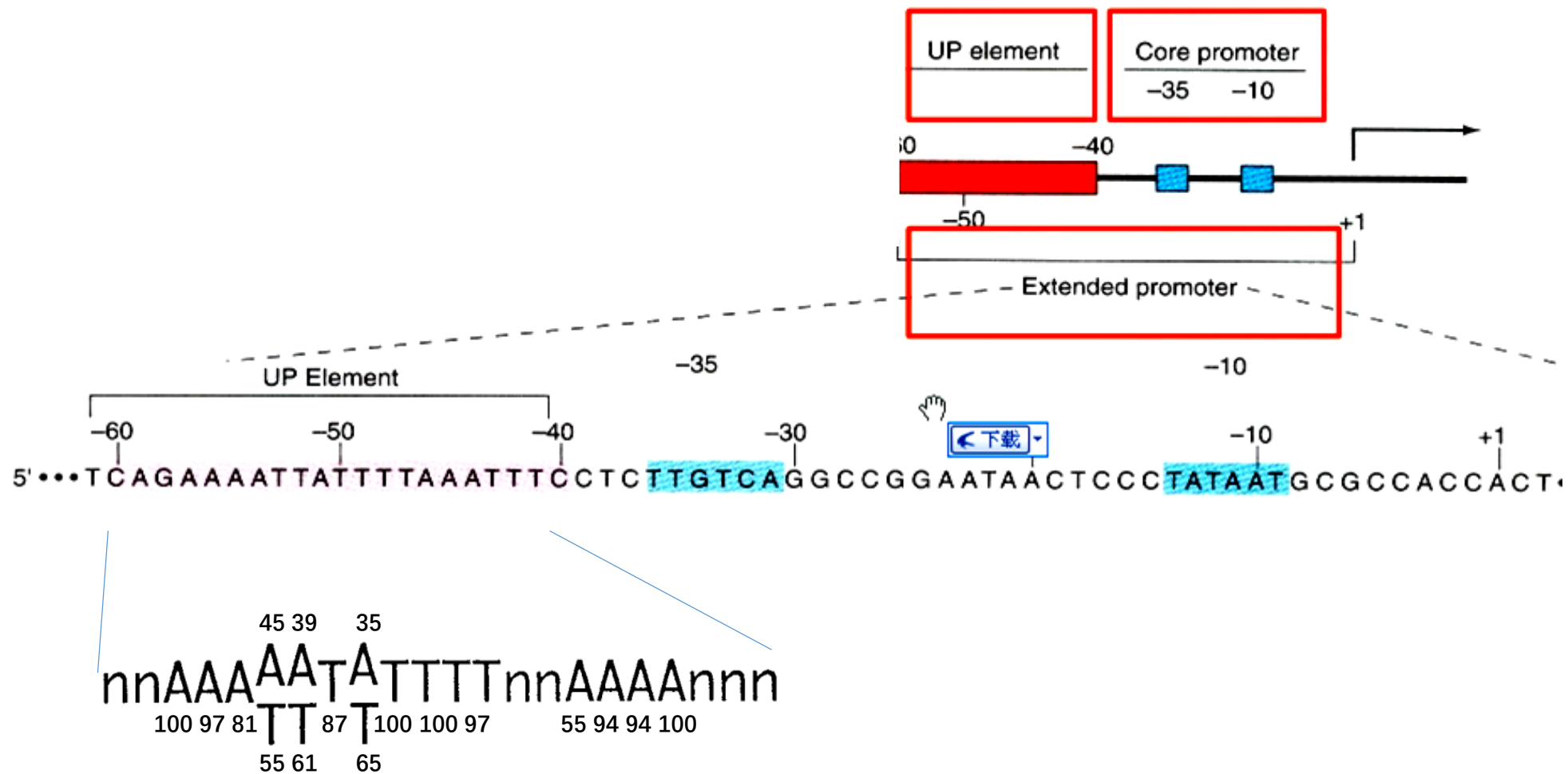
1993年, Lissner S. & Margalit H., (*E. coli* Promoter, 不含噬菌体)

.....T₆₉T₇₉G₆₁A₅₆C₅₄A₅₄.....16₁₇17₄₃18₁₇.....T₇₇A₇₆T₆₀A₆₁A₅₆T₈₂.....

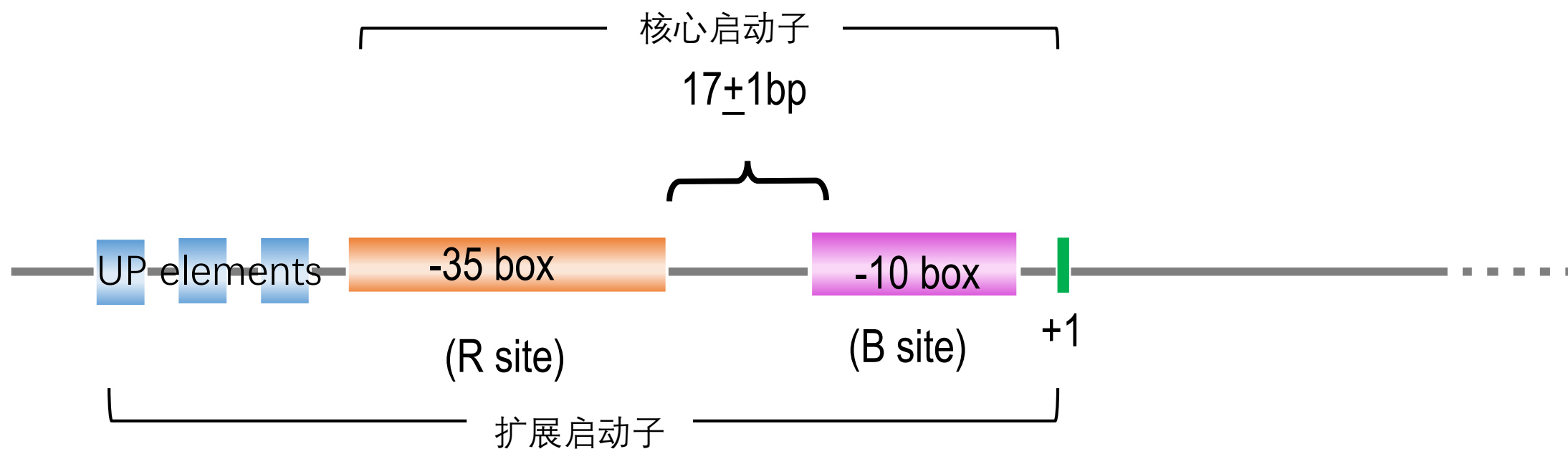
原核生物的核心启动子 (Core promoter)



大肠杆菌*rrB* 的P1启动子中的UP元件



原核生物的扩展启动子 (Extended Promoter)



转录启动子的活性受到各个元件的序列特征的影响

表 4-1 原核生物启动子的序列比较

启动子		-35 序列----spacer-----10 序列
标准序列（基序）		TTGACA ---- 17±1 ---- TATAAT
<i>araBAD</i> 启动子	弱	<u>CTGACG</u> ---- 18 ---- T <u>ACTGT</u>
<i>recA</i> 启动子	强	TTG <u>A</u> TA ---- 16 ---- TATAAT
<i>lac UV5</i> 启动子	强	TT <u>T</u> ACA ---- 18 ---- TATAAT
<i>lac</i> wild-type 启动子	弱	TT <u>T</u> ACA ---- 18 ---- TAT <u>G</u> TT

上调（上行）突变：

启动子基序与标准基序没有差异或差异极小，启动转录的能力较强。

下调（下行）突变：

启动子基序与标准基序差异较大，启动转录的能力较弱。

λ 噬菌体启动子的-10区突变

λ -C17 TATAAT
 ↓ ↓
 G A

λ -pRE AAGTAT
 ↓ ↓
 C C

LRNAstr TAAAAT
 ↓
 C

Bop98 TAAATT
 ↓
 C

gal TATGGT
 ↓
 T

LRNAtyr TATGAT
 ↓ ↓
 C C

LRNAtrp TTAACT
 ↓
 C

λ -CTR TACACT
 ↓ ↓ ↓
 CG C

Lac-p115 TATTGT
 ↓
 A

 AA
 ↑ ↑
λ -Clac TATGTT

14个下调突变， 2个上调突变

- $A/T \rightarrow G/C$: 多为下行突变，增强了双链的稳定性，不易解链，导致转录效率下降。
- $A/T \rightarrow T/A$: 有上行突变，也有下行突变。这种突变改变了双链的碱基堆积或者与RNA聚合酶的结合能力，导致转录效率改变。

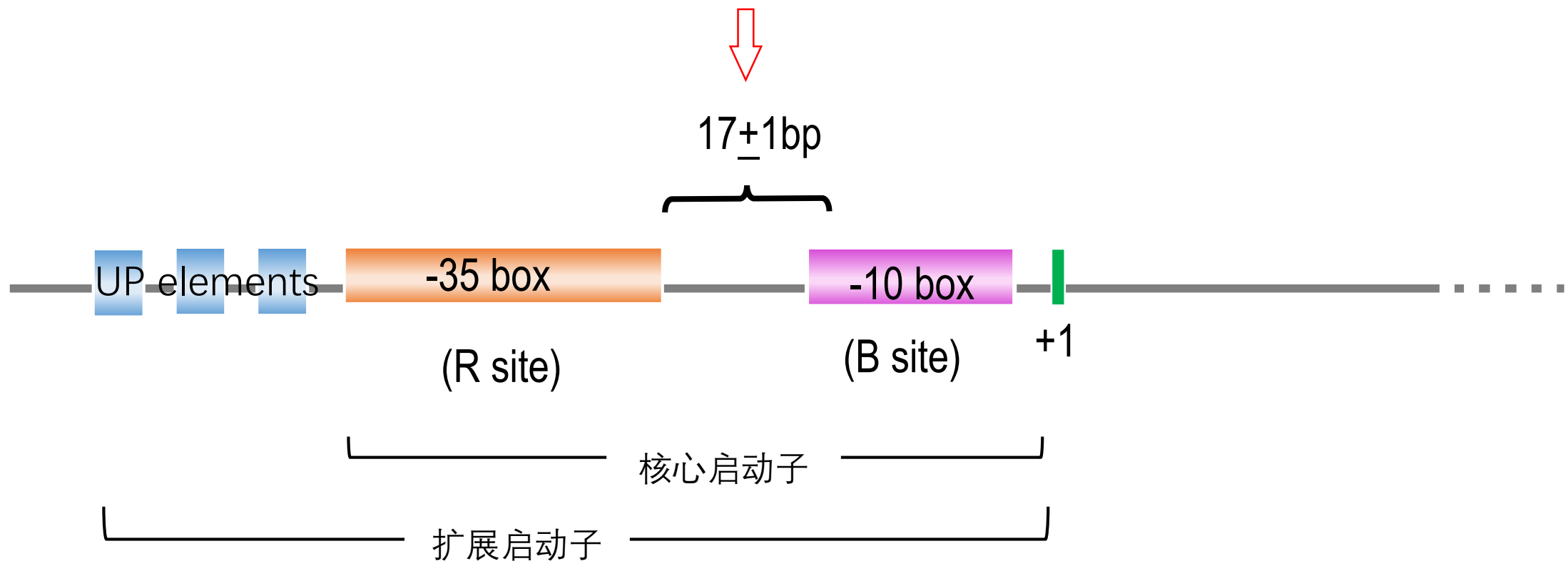
-10区和-35区碱基突变：多数为下调突变

➤单独突变：-10区或-35区突变 → 转录效率下降 100倍

➤同时突变：-10区和-35区同时突变 → 转录效率下降1000倍

-35区与-10之间的间距的突变

间距趋近 17 bp，有利于RNA聚合酶的启动；
间距远离 17bp → 不利于RNA聚合酶的启动，为下调突变。



下节内容：原核生物的转录过程