

RNA聚合酶II中的CTD结构在mRNA转录和加工偶联过程中的重要作用

韩玉波, 张飞雄

首都师范大学生物系, 北京 100037

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 RNA聚合酶II最大亚基末端的羧基端结构域(CTD)是由以七氨基酸(-Tyr-Ser-Pro-Thr-Ser-Pro-Ser-)为重复单位的高度保守的重复序列组成的。因其结构与功能上的特殊性,它在近年来受到学术界的广泛关注。诸多的实验表明,该结构可通过与mRNA加工因子的相互作用而对其加工过程产生直接或间接的影响,在mRNA的转录和加工的偶联过程中具有重要的作用。本文即是根据近年来的实验结果对其结构和功能做出的综述性介绍。

关键词 [RNA聚合酶II](#) [CTD](#) [mRNA转录](#) [mRNA加工](#)

分类号

The Role of the Carboxy-terminal Domain of the RNA Polymerase II on Coupling mRNA Transcription with Processing

paperHAN Yu-Bo,ZHANG Fei-Xiong

Department of Biology,Capital Normal University,Beijing 100037,China

Abstract

The carboxy-terminal domain of the largest subunit of the RNA polymerase II (CTD) is comprised of multiple repeats of a conserved heptapeptide with the consensus sequence-Tyr-Ser-Pro-Thr-Ser-Pro-Ser-. In the past decade, much attention has been paid to this specific structure. Many experiments showed that the CTD played a pivotal role in the coupling mechanism that links mRNA transcription with processing by associating with the transcriptional and processing factors. The recent advance of the structure and functions is summarized in this

Key words [RNA polymerase II](#) [CTD](#) [mRNA transcription](#) [mRNA processing](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(0KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ 本刊中 包含 [“RNA聚合酶II”的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [韩玉波](#)
- [张飞雄](#)