阅读 编辑 查看历史 /搜索维基百科

打印/亚出

Ф

中文维基百科Facebook粉丝专页正式上线,邀请大家一同关注。

# 脱氧核糖核酸 [編制]

维基百科, 自由的百科全书

条目 讨论 大陆简体 > 汉 漢

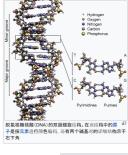
■ "DNA"重定向至此。关于与此名称相似的其他条目, 详见"DNA (精練义)"。

限氣接着軟體(英语: deoxyribonucleic acid. 缩写: DNA) 又称限氣接着執體。是一种生物大分子,可组成這作指令,引导生物沒肯与生命和能运作。主要功能是信息結弃,可比喻分質图"或"配方<sup>[1]</sup>。其中包含的指令,是建构照脑内其他的化合物。 如蛋白质与核糖核酸所需。带有蛋白质编码的DNA片段称为基因。其他的DNA序列,有些直接以本身构造发挥作用,有些则参与调控遗传信息的表现。

DNA是一种长链聚合物,组成单位称为核苷酸。而糖类与磷酸θ由脂银相连,组成基长链骨架。每个整单位都与四种碱基里的其中一种相接,这些碱基治素DNA长链所排列而成的序列,可组成遗传密码。是蛋白质氨基酸序列合成的依据。读取密码的 过程称为较录、是根据DNA序列复制出一段称为RNA的核酸分子。多数RNA带有含成蛋白质的信息、另有一些本身就拥有特殊功能、例如核糖体RNA、小核RNA与小干抗RNA。

在细胞内,DNA能组织成染色体结构。整组染色体则统称为基因组。染色体在细胞分裂之前会先行复制。此过程称为DNA复制。对真核生物,如动物、植物及真菌而言,染色体是存放于细胞核内;对于原核生物而言。如细菌,则是存放在细胞质中的拟核里。染色体上的染色质蛋白,如细蛋白,能够得DNA组织并压缩。以帮助DNA与其他蛋白质进行交互作用,进而调节基因的转录。







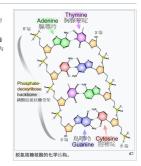
# 物理与化学性质 [編輯]

1股氣核糖核酸是一种由核苷酸重复排列组成的长链聚合物<sup>[2][3]</sup>,变度约22到24埃(22到24纳米),每一个核苷酸单位则大约长3.3埃(0.33纳米)<sup>[4]</sup>,在整个股氧核糖核酸聚合物中,可能含有数百万个相连的核苷酸。例如人类细胞中最大的1号录色体 中,数有2位2平万个碱基均<sup>[3]</sup>。通常在生物体内,脱氧核糖核酸并非单一分子,而是形成两条互相配对并紧密给各<sup>[6][7]</sup>,且如藤蔓峻地境烧成双螺旋结构的分子,每个核苷酸分子的其中一部分会相互连结,组成长链骨架;另一部分称为碱基,可使成对 的两条脱氧核糖核酸相互结合。所谓核苷酸,是指一个核苷加上一个或多个磷酸基团,核苷则是指一个碱基加上一个糖类分子<sup>[8]</sup>

影響核難核酸骨學是中國酸与幾苯基团交互排列而成<sup>6]</sup>,组成影響核難核酸的幾苯分子为环状的2.影響核難属于五碳幾的一种。碳酸基因上的两个氯属子分别排在五碳幾的3是及5层碳属子上,形成碳酸双影線。这种两侧不对新的非价键位置,使每 条股氧核糖核酸长铅管具方向性。双螺旋中的两股核苷酸互以相反方向排列,这种排列方式称为反平行。胶氧核糖核酸铋上互不对称的两末端一边叫做5端,另一边则称3端。股氧核糖核酸与RNA最主要的差异之一。在干组成糖分子的不同,DNA为 2-脱氧核糖, RNA则为核糖[7]。

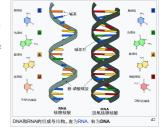
本模板: 查看·讨论·编辑

DNA与RNA的比较			
项目	DNA	RNA	解说
组成主干之糖类分子[7]	2-脱氧核糖和磷酸	核糖和磷酸	
骨架结构	规则的[10]:50双螺旋结构[11]	单螺旋结构[11]	即脱氧核糖核酸由两条脱氧核苷酸链构成,而核糖核酸由一条核糖核苷酸链构成。[10]:49
核苷酸数	通常上百万	通常数百至数千个	
破基种类[12][11]	腺嘌呤(A)	腺嘌呤(A)	除部分例外,DNA为胸腺嘧啶,RNA为尿嘧啶。
	胸腺嘧啶(T)	尿嘧啶(U)	
	胞嘧啶(C)	胞嘧啶(C)	
	鸟嘌呤(G)	鸟嘌呤(G)	
五碳糖种类[11]	脱氧核糖	核糖	
五碳糖连接组成分	氢原子	羟基	在五碳糖的第二个碳原子上连接的组成分不同。
存在[11]	细胞核(少量存在于线粒体、叶绿体)	细胞质	

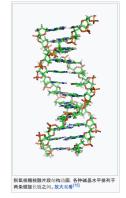


两股舰氧核糖核酸长链上的碱基以氢键相互吸引,使双螺旋形态得以维持。这些碱基可分为两大类,以5角及6角杂环化合物组合而成的一类称为嘌呤;只有一个6角杂环的则称为嘧啶<sup>[8]</sup>。组成脱氧核糖核酸的碱基,分别是腺嘌呤(add 缩写A)、随哪啶(cytosine、C)、号唱管(guarline、G)与胸腺嘧啶(tytosine、C)、号唱的(guarline、G)与胸腺嘧啶(tytosine、C)、号唱的(guarline、G)与胸腺嘧啶(tytosine、C)、多原溶性(guarline、G)与胸腺嘧啶(tytosine、C)、多原溶性(guarline、G)与胸腺嘧啶(对G)、基础分子中,角色相当于脱氧核糖核酸里的胸腺嘧啶,通常在脱氧核糖核酸中,它会作为随嘌啶的分解产物,或是CpG点中未经甲基化的胞嘌啶夹变产物。少见的例外发现于一种称为PBS1的细菌病毒,此类病毒的脱氧核糖核酸中含有尿嘧啶(13。在某些特定RNA分子的含成过程中,会有许多尿嘧啶在脂的作用下失去一个甲基、因而转变成胸腺嘧啶、这种情形大多出现于一些在构造上具有功能。或者具有脂能力的RNA上,例如较远RNA与核糖体RNA[14]。

两股脱氧核糖核酸长链会以右旋方式交互缩捻成双螺旋结构,因为以磷酸联结而成的骨架位于外部,且两股之间会留下一些空隙。因此位于螺旋内部的碱基。即使从螺旋外侧依然可见(如右方动画)。双螺旋的表面有两种凹槽(或称"沟"):纹 大的宽22埃;较小的宽12埃[16]。由于各个碱基靠近大凹槽的一面较容易与外界接触,因此如转录因子等能够与特定序列结合的蛋白质与碱基接触时,通常是作用在靠近大凹槽的一面<sup>[17]</sup>。







#### 碱基配对 [編輯]

参见: 含氮碱基和碱基对

股股氧核糖核酸上所具有的各类型含氮碱基,都只会与另一股上的一个特定类型碱基产生键结。此种情形称为互补性碱基配对。嘌呤与嘧啶之间金形成氢键。在一般情况下,A只与T相连,而C只与G相连。因此排列于双螺旋上的核苷酸。便以这种称为碱基对的方式相互联结。除此之外,与脱氧核糖核酸序 列无关的疏水性效应,以及可重叠效应所产生的力,也是两股股氧核糖核酸能排结合依态的原因<sup>[18]</sup>。由于驳毁此共价领更容易断裂,这使双股股氧核糖核酸可能会因为机械力或高温作用,而有如拉链一般地解开<sup>[19]</sup>,这种观象被称为DNA变性。由于互补的特性,使位于双股序列上的信息,皆以双倍的形式存在,这种特性对于脱氧核糖核酸复制过程来说相当重要,互补减甚之间可逆且具专一性的交互作用,是生物脱氧核糖核酸所共同拥有的关键功能<sup>[2]</sup>。

的碱基对分别是以不同数目的复键结合・ALT之间有两条・GLC之间 川有三条(以左図 股股氨核链核酸的结合强度 具由CC配对所占比例 以及双螺旋的单长度率决定 当股氨核链核酸双螺旋纹长且CC含量较高时 其双股之间 201,双螺旋上有某些部位必须能够化易解开,这些部位通常含有有较多的AT配对,例如细菌是动子上一般含有TATAAT序列的重要市谈室<sup>(2)</sup>,在头室中,看找出男牙炎被所谓治温度,也就是所谓指点(7<sub>2</sub>7),便能计算出而是这个 强;长度较短且AT含量较高时,结合能力则较弱 双螺旋上所有的碱基配对都解开之后,溶液中的两股脱氧核糖核酸将分裂成独立的分子。单股脱氧核糖核酸分子并无固定的形体,但仍有某些形状较为稳定且常见[22]。

#### 正意与反意 [編集]

#### 参见:意(分子生物学)

一般来说,当一段脱氧核糖核酸序列之mRNA为翻译成蛋白质的RNA序列时,称为"正意"。而相对并互补的另一股序列,则称为"反意"。由于RNA聚合酶的作用方式,是根据模板上的信息来合成一段与模板互补的RNA片段,因此正意mRNA的序列实际上与脱氧核糖核酸上的正意股相同。在同一股脱氧核糖核

一放木龙、当一成以氧化物包含的分之(INCV)公司中(从在日间的VVV)分时,从分上思。则他的为五个的分一成分为,20多人为人及思。这样也不是一个人,在他后收集在的信息之古从一点分析,这种是是一个人,这个人,这个人,我们就是一个人,这个一个人,这个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,我们就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人就是一个人,这个人,这个人就是一个人,我们就是一个人就会说是一个一个人,我们就是一个人的一个人,我们就是一个人,我们就是一个人的人,我们就是一个人,我们就是 7]。为了缩减基因组的大小,也有某些病毒以线状或环状的单股脱氧核糖核酸作为遗传物质

#### 超螺旋 [編輯]

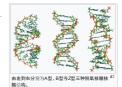
聚氧核糖核酸链在双螺旋基端上如缆索接扭转的观象与过程称为DNA组螺旋。当股氧核糖核酸处于"松弛"状态时,双螺旋的两股通常会延着中端,以每10.4个碱基对旋转一圈的方式扭转。但如果聚氧核糖核酸受到扭转,其两股的缩绕方式将变得更紧或更放<sup>[30]</sup>。当聚氧核糖核酸扭转方向与双股螺旋的旋转 方向相同时,称为正起螺旋、此时碱基将更加紧密绝结合。反之若扭转方向与双股螺旋相反,则称为负起螺旋、碱基之间的结合度会降低。自然界中大多数的脱氧核糖核酸、会因为拓扑异构脑的作用,而形成轻微的负超螺旋状态<sup>[31]</sup>。拓扑异构脑同时也在特录作用或DNA复制过程中,负责纤解脱氧核糖核酸 链所受的扭转压力[32

#### 各种类型的双螺旋结构 [編輯]

#### 参见: DNA的机械性质

粉鱼林藤林藤春多种不同的构象,其中有些构象之间在构造上的美量并不大,目前已经证出来的构象包括,A.DNA、C.DNA、D.DNA[33],F.DNA[34],H.DNA[33],F.DNA[33],P.DNA[36]与7.DNA[36]。7. 不详以现有的生物系统来说 自然界由可以的日 有ADNA,B-DNA与Z-DNA, 脱氧核糖核酸所具有的构象可模据脱氧核糖核酸序列、超螺旋的程度与方向、碱基上的化学修饰、以及溶液状态、如金属离子多数次度来分类<sup>[38]</sup>。三种主要构象中以巴型为细胞中最常见的汞型<sup>[39],</sup>与另两种脱氧核糖核酸双螺 旋的差异, 在于其几何形态与尺寸。

其中A堅拥有较大的宽度与右旋结构,小凹槽较浅且较宽。大凹槽则较深较窄。A型一般存在于非生理状态的脱水样本中,在细胞中则可能为脱氧核糖核酸与RNA混合而成的产物(类似脑及脱氧核糖核酸的复合物)<sup>[40][41]</sup>。若一股脱氧核糖核酸上RNA混合而成的产物(类似脑及脱氧核糖核酸的复合物)<sup>[40][41]</sup>。若一股脱氧核糖核酸上RNA混合而成的产物(类似脑及脱氧核糖核酸的复合物)<sup>[40]</sup> 一种称为甲基化的化学修饰,将使其构型转变成Z型。此时螺旋形式转为左旋,与较常见的右旋B型相反<sup>[42]</sup>。某些专门与Z-脱氧核糖核酸结合的蛋白质可辨识出这种少见的结构,此外Z型脱氧核糖核酸可能参与了转录作用的调控<sup>[43]</sup>。



# 四联体结构 [編輯]

#### 主条目:G-四联体

继状染色体的末端有一段称为罐栽的特殊区域。由于一般参与复制股氢核糖核醇的脑无法作用于染色体的3°端,因此这些螺栽的主要功能,是使细胞能利用一种称为螺栽脂的脑来复制罐栽<sup>(45)</sup>。如果螺栽消失,那么复制过程将使杂色体长度缩小,因此这些特化的端帽 能保护染色体结尾不被外切畸破坏,并阻止细胞中的DNA修复系统将其视为需修正的损毁位置<sup>[46]</sup>。在人类细胞中,端粒是由重复出现数干次TTAGG序列的单股脱氧核糖核酸所组成<sup>[47]</sup>。

这些序列富含鸟嘌呤,可形成一种由四个碱基重叠而成的特殊结构,使染色体末端较为稳定。四个鸟嘌呤可构成一个平面,并且重叠于其他平面之上,产生稳定的G四联体结构<sup>460</sup>。碱基与位在四个碱基中心的金属离子酱含物之间,是绘由氢硬结合以稳定结构。在图显示由上方观看人类端粒中的回版体,因中可见每四个碱基为一组,共三层碱基重叠而成的单段脱氧核糖核酸分分,可见三个螯合在一起的钾离子<sup>[46]</sup>。也有其他类型的结构存在,例如中心的四个碱基,除了可以是属于单一的一股脱氧核糖核酸之 外,也可能是由多条平行的脱氧核糖核酸各自贡献一个碱基而形成。

端粒另外还可形成一种大型环状结构。称为端粒环或T环(T-loop)。是由单股股氧核糖核酸经过端粒结合蛋白的作用之后。卷曲而成的一个大循环[50]。在T环长铃曼前端的地方。单股的脱氧核糖核酸会附著在双股脱氧核糖核酸之上。破坏双螺旋脱氧核糖核酸与另一股 的碱基配对, 形成一种称为替代环或D环的三股结构[48]

# 化学修饰 [編輯]

#### 磁基修饰 [編集] 参见: DNA甲基化

基因的表现。受染色体上的染色所结构与异染色所(基因无表现或低表现)区域里的散嘧啶甲基化所影响。举例而言、当散嘧啶受到甲基化时、会转变成5.甲基散嘧啶、此作用对于X染色体的去激活。终印和保护脱氧核糖核酸分子不被内切脏所切断(存在例 

#### 脱氧核糖核酸损害 [編集]

有许多不同种类的突变原可付DNA造成损害,其中包括氧化剂、烷化剂,以及高频电磁辐射,如紫外线与X种线。不同的突变原对DNA造成不同类型的损害,举例而言,紫外线会造成胸腺嘧啶二聚体的形成,并与相邻的磁基产生交叉,进而使DNA炎生损害<sup>[57]</sup>,另一方面,氧化剂如自由基或过氧化氢,可造成多种不同形态的损害,尤其可对乌昔进行碱基修饰,并且使双股分解<sup>[58]</sup>。根据估计,在一个人类细胞中,每天大约有500个碱基遭受氧化损害<sup>[59]</sup>。在各种氧化损害当中,以双股分解最为危险,此种损害难以修复,且可 造成DNA序列的点突变、插入与删除, 以及染色体易位[61]。

许多空空厦可嵌入相邻的两个碱基对之间,这些嵌入剂大多是苦香性分子及平面分子,包括乙烷、道诺霉素、阿霉素与沙利塞汀、及须生使碱基之间的空脑变大,之能使嵌入剂置入碱基对之间,整体而置,附氨核糖核酸会因为双螺旋解开而扭曲变形。结构改变会 

#### 生物机能概观 [編輯]

。 股氧核糖核酸于真核生物细胞内,通常是以长条仗染色体形式存在:在原核生物细胞内则是环状染色体。细胞内的所有染色体合称基因组。人类基因组中大约有30亿个碱基对,共组成了40个染色体<sup>[60]</sup>。股氧核糖核酸所携带的信息,是以聚氧核糖核酸降列形式、保 存于一些称为基因的片段中,基因中的遗传信息是约由互补的碱基配对来传谱,例如在转录作用中,细胞里的RNA核苷酸会与互补的器氨核糖核酸结合。复制出一段与器氨核糖核酸溶剂互补的RNA序列,一般来说,这段RNA序列指令在翻译作用中,经由RNA之间 的互补配对,合成出相对应的蛋白质序列。另一方面,细胞也可以在称为脱氧核糖核酸复制的过程中,单纯地复制其自身的遗传信息。

#### 参见:细胞核、染色质、染色体、基因和非编码DNA

直核生物的基因组聚氨核糖核酸主要存的干细酸核中,此外也有少量价干级新体或計學体内。隨核生物的影氣核糖核酸则是保存在形状不规则的类核(nuclecid)当中<sup>[67]</sup>。基因是影氨核糖核酸的一段反域,保存了基因组度的遗传借息,是遗传的单位,影响了生物 个体的特定表征。基因中含有可转录的开放阅读框架,以及一些可调节开放阅读框架表现的调控序列,如后动子与增强子。

许多物种的基因组都只有一小部分可编译成蛋白质。以人类为例。在人类的基因组中只有1.5%属于含有蛋白质编码的外显子、另有超过50%属于充编码的重复序列<sup>(68)</sup>。真核生物基因组中如此大量的非编码DNA,以及物种之间不寻常的基因组大小或C值差异,长久以来一直是个难题,人们称之为"C值证<sup>1(60)</sup>。不过这些不含蛋白质编码的脱氧核糖核酸序列,仍可能合成出具有功能的非编码DNA分子,用以调控基因表达<sup>[70]</sup>。

得残缺无用的基因复制品[73]。这些序列通常只可算是分子化石,不过有时候也会因为基因重复与趋异演化,而成为新基因里的新遗传物质[74]。

染色体中的某些非编码脱氧核糖核酸序列。本身具有结构上的功能。例如一般只带有少量基因的端粒与着丝粒。对于染色体的稳定性及机能而言显得相当重要<sup>(46)[72]</sup>。人类体内有一类大量存在的非编码脱氧核糖核酸、称为伪基因。是一些因类变累积而变

# 氨核酶核酸模板(橙色) <sup>6</sup>

# 转录与翻译 [編輯]

参见:遗传密码、转录和蛋白质生物合成

可以改变核小体的排列方式,产生更复杂的染色质结构[82]。

基因是指一段含有遗传信息,且可影响生物体表现型的脱氧核糖核酸序列。基因里的脱氧核糖核酸碱基序列决定了值使RNA的序列,而信使RNA的序列又决定了蛋白质的序列。翻译作用可依据基因所含有的核苷酸序列,以及遗传密码规则,生产出对应的 蛋白质氨基酸序列。遗传密码的组成单位称为密码子,是含有三个字母的"指令",这些单位则由三个核苷酸组成。例如ACT、CAG或TTT。

在转录作用中,基因里的密码子会在RNA聚合酶的作用下,复制成为信使RNA。之后核糖体会帮助带着氨基酸的转移RNA与信使RNA进行碱基配对,进而将信使RNA解码。由于组成密码子的碱基共有四种,且以三字母为一单位,因此可能存在的密码子一 社会、作用不一类的通知,其实也可以不是一种企业,是一个企业,但是一个企业,但

# 复制 [編輯]

#### 参 □ · DNA 复制

生物个体成长需要经历细胞分裂。当细胞进行分裂时,必须得自身基因组中的脱氧核糖核酸复制,才能使于细胞拥有和亲代相同的遗传信息。脱氧核糖核酸的双股结构可供脱氧核糖核酸复制和制进行,在此复制过程中,两条长链会 先分离。之后一种称为DNA聚合酯的脂。会分别以两条长链为依据。合成出互补的脱氧核糖核酸序列。酯可找出正确的外来互补碱基,并将其结合到模板长链上,进而制造出新的互补长链。由于脱氧核糖核酸聚合酯只能以5到3°的方 向合成脱氧核糖核酸铁。因此双螺旋中平行但方向相反的两股。具有不同的合成机制[75]。旧长铁上的碱基序列决定了新长铁上的碱基序列,使细胞得以浆得完整的脱氧核糖核酸复制品。

#### 与蛋白质的交互作用 [編輯]

脱氧核糖核酸若要发挥其功用,必须仰赖与蛋白质之间的交互作用,有些蛋白质的作用不具专一性,有些则只专门与个别的脱氧核糖核酸序列结合。聚合酶在各类酶中尤其重要,此种蛋白质可与脱氧核糖核酸结合,并作用于特录或

# 图为脱氧核糖核酸复制, 首先螺旋酶与拓扑异构酶将双螺旋解开, 接着一个 DNA聚合酶负责合成前进股,另一个则与延迟股结合, 制造一些不连续的闪向 段, 再由脱氧核糖核酸连接酶将其黏合。

#### 脱氧核糖核酸结合蛋白 [編輯]

结构蛋白可与脱氧核糖核酸结合,是非专一性脱氧核糖核酸-蛋白质交互作用的常见例子。染色体中的结构蛋白与脱氧核糖核酸组合成复合物,使脱氧核糖核酸组织成紧密结实的染色质构 造。对真核生物承记,染色质是由脱氧核糖核酸与一种称为组蛋白的小型碱性蛋白质所组合而成,而原核生物体内的此种结构,则参杂了多种宗型的蛋白原[<sup>70][77]</sup>。双股聚氧核糖核酸可在组蛋白的表面上附着并缩绿整整两圈,以形成一种称为核小体的点状复合物。组蛋白里的碱性残基,与脱氧核糖核酸上的酸性糖磷酸骨架之间可形成离子吧,使两者火生非专一性交互作用,也使复合物中的碱基序列相互分离[<sup>78]</sup>。在碱性氨基酸羧基上所发生的化学修饰有甲基化、磷酸化与乙酰化等<sup>[79]</sup>,这些化学作用可使脱氧核糖核酸与组蛋白之间的作用强度发生变化,进而使脱氧核糖核酸结合,并使其扭曲的高移动性群蛋白[<sup>81]</sup>。这类蛋白质

脱氧核糖核酸结合蛋白中有一种专门与单股脱氧核糖核酸结合的类型。称为作股脱氧核糖核酸结合蛋白。人类的复制蛋白人是此类蛋白中获得较多研究的成员,作用于多数与解开双螺旋有关的过程。包括脱氧核糖核酸复制、重组以及脱氧核糖核酸给复 结合蛋白可固定单股脱氧核糖核酸,使其变得较为稳定,以避免形成茎环(stem-loop),或是因为核酸酶的作用而水解。

線核糖核酸与川蛋白(上阳白色部分)的 互作用。这种蛋白原中的碱性氨基酸(在 蓝色)。可多酸核糖酸酸上的酸性磷酸 的酶结合于服力性、使聚核核糖核酸模板与聚合酶发生接触的或度改变[88]。 由阳台(各下在18)。 相对而言,其他的蛋白质则只能与特定的脱氧核糖核酸序列进行专一性结合。大多数关于此类蛋白质的研究集中于各种可调控转录作用的转录图字。这类蛋白质中的每一种,都能与特定的脱氧核糖核酸序列结合,进而激活或抑制位于最功子附近序列的基因转录作用。转录图子有两种作用方式,第一种可以直接或经由其他中介蛋白质的作用,而与负责转录的RNA聚合脑结合,再使聚合脑与围功子结合,并开启转录作用[85]。第二种则与专门修饰组蛋白

由于目标脱氧核糖核酸可能散布在生物体中的整个基因组中,因此改变一种转录因子的活性可能会影响许多基因的运性<sup>[87]</sup>。这些转录因子也因此经常成为信号传递过程中的作用目标,也就是作为细胞反映环境改变,或是进行分 化和发育时的媒介。具专一性的技灵因子会与脱氧核糖核酸发生交互作用,使脱氧核糖核酸碱基的周围产生许多接触点,让其他蛋白质得以"读取"这些脱氧核糖核酸序列。多数的碱基交互作用发生在大凹槽,也就是最容易从外界接触碱基的部位<sup>[88]</sup>

#### 脱氧核糖核酸修饰酶 [編輯]

#### 核動態与连接酶 [編集]

核酸酯是一种可约由催化磷酸双脂键的水解。而将脱氢核糖核酸铁切断的脂。其中一种称为外切脂。可水解位于脱氢核糖核酸长饼末端的核苷酸;另一种则是内切脂。作用于脱氢核糖核酸两个端点之间的位置。在分子生物学领域 中使用测率最高的核酸脂为现象间内切脂,可切割特定的股重表着核酸序列。例如在图中的ECORV可排出出具有个减基系的ATATC-31序列,并从GAT与ATC之间那条重直设所在的位置将其切断。此次脑在自然界中能消化噬菌体股氧核糖核酸,以保护遭受噬菌体感染的细菌,此作用属于限制修饰系统的一部分<sup>[50]</sup>。在技术上,对序列具专一性的核酸脑可应用于分子克隆与胶氧核糖核酸指纹分析。

另一种酶脱氧核糖核酸连接酶,则可利用来自腺苷三磷酸或烟酰胺腺嘌呤二核苷酸的能量,将断裂的脱氧核糖核酸长链重新接合<sup>[91]</sup>。连接酶对于脱氧核糖核酸复制过程中产生的延迟股而言尤其重要,这些位于复制叉上的短小片 段 可在此酶作用下黏合成为脱氧核糖核酸模板的完整复制品。此外连接酶也参与了DNA恢复与遗传重组作用[91]。

#### 拓扑异构酶与螺旋酶 [編輯]

拓扑异构酶是一种同时具有核酸酶与注接酶效用的酶,可改变聚氧核糖核酸的超螺旋程度。其中有些是先使脱氧核糖核酸双螺旋的其中一股切开以形成缺口,让另一股能穿过此缺口,进而减低超螺旋程度,最后再将切开的部位黏合<sup>[37]</sup>。其他炎型则是将两股脱氧核糖核酸同时切开,使另一条双股脱氧核糖 核酸得以通过此缺口,之后再将缺口黏合[92]。拓扑异构酶参与了许多脱氧核糖核酸相关作用,例如脱氧核糖核酸复制与转录[32]。

螺旋筒是分子马达的一种类型,可利用来自各种核苷三磷酸、尤其是腺苷三磷酸的化学能量、破坏碱基之间的氮键、使DNA双螺旋解开成单般形式<sup>193</sup>。此类酶参与了大多数关于DNA的作用,且必须接触碱基才能炎择功用。

#### 最合臨 [編集]

聚合酶是一种利用核苷三磷酸类合成聚合苷酸链的酶。方法是将一个核苷酸连接到另一个核苷酸的3羟基位置。因此所有的聚合酶都是以5性3'的方向进行合成作用<sup>[64]</sup>。在此类酶的激活位置上,核苷三磷酸度物会与华段聚合苷酸模板欠生碱基配对。因而使聚合酶能邻精确地依据模板,合成出互补的另一股 聚合苷酸。聚合酶可依据所能利用的模板类型来做分类。

在脱氧核糖核酸复制过程中,依赖脱氧核糖核酸模板的DNA聚合酶可合成出聚氧核糖核酸序列的复制品,由于此复制过程的精确性是生命维持所必需,因此许多这类聚合酶用有校正功能,可辨识出合成反应中偶然发生的配置错误,也就是一些无法与另一股配对的碱基。检测出错误之后,其3到5万向的外切隔活性会发生作用,并得错误的碱基移除<sup>195</sup>。大多数生物体内的脱氧核糖核酸聚合酶,是以称为复制体的大型复合物形式来发生作用,此复合物中含有许多附加的次单位,如DNA夹或螺旋酶<sup>[185</sup>]。

依赖RNA作为模板的股氧核糖核酸聚合脂是一种议特别的聚合脂。可得RNA长链的序列复制成股氧核糖核酸版本。其中包括一种称为逻转录脂的病毒脂,此种脂参与了逻转录病毒对细胞的感染过程;另外还有复制螺粒所需的螺粒脂<sup>[67]</sup>标与,本身结构中含有RNA模板<sup>[68]</sup>。

转录作用是由依赖脱氧核糖核酸作为合成模板的RNA聚合酶来进行,此类酶可得脱氧核糖核酸长性上的序列复制成RNA版本。为了起始一个基因的转录、RNA聚合酶会先与一段称为启动子的脱氧核糖核酸序列综合,并使两股脱氧核糖核酸分离,再将基因序列复制成信使RNA、直到到达能使转录结束的综 此子序列为此。如同人类体内依赖附氨核糖核酸模板的脱氧核糖核酸聚合酶 负责转录人类基因组中大多数基因的RNA聚合酶I 也是大型蛋白质复合物的一部分 此复合物受到多重调控 也含有许多附加的次单位<sup>[98]</sup>

#### 遗传重组 [編集]

参见:遗传重组



各条脱氧核糖核酸螺旋间的交互作用不常发生。在人类细胞核里的每个染色体、各自拥有一块条作"染色体领域"的区域<sup>[100]</sup>。染色体之间在物理上的分离。对于维持脱氧核糖核酸信息储藏功能的稳定性而言相当重要。

不过染色体之间有时也会发生重组,在重组的过程中,会进行染色体互换;首先两条脱氧核糖核酸螺旋会先断裂,之后交换其片段,最后再重新黏合。重组作用使染色体得以互相交换遗传信息,并产生新的基因组合,进而增 加自然选择的效果,且可能对蛋白质的演化产生重要影响<sup>[101]</sup>。遗传重组也参与脱氧核糖核酸修复作用,尤其是当细胞中的脱氧核糖核酸发生斯裂的时候<sup>[102]</sup>

同源重组是最常见的染色体互换方式,可灾生于两条序列相类似的染色体上。而非同源重组则对细胞具有伤害性、会造成染色体易位与遗传异常。可催化重组反应的酶,如RAD5{<sup>[103]</sup>,称为"重组酶"。重组作用的第一个步骤,是内切酶作用,或是脱氧核糖核酸的损坏所造成的脱氧核糖核酸双数断裂<sup>[104]</sup>。重组酶可催化一系列步骤,使两条螺旋结合产生Hollday交叉。其中每条螺旋中的半起脱氧核糖核酸、管与另一条螺旋上与之互补的脱氧核 糖核酸连结在一起,进而形成一种可干染色体内移动的交叉形构造,造成脱氧核糖核酸锌的互换。重组反应最后会因为交叉结构的断裂,以及脱氧核糖核酸的重新黏合而停止[<sup>105]</sup>。

#### 脱氧核糖核酸生物代谢的演化「編集」

脱氧核糖核酸所包含的遗传信息,是所有现代生命机能,以及生物生长与繁殖的基础。不过目前尚未明了在长达40亿年生命史中,脱氧核糖核酸究竟是何时出现并开始发生作用。有一些科学家认为,早期的生命形态有可能 数据的电路域的口音自动设计器。从外上的工作。从外上的工作,不知识上的工作。 是以内心体产品使物源[100][107]。内心和商企工中的企业。从上的工作是一种工作,不知识上的工作,在一种工作,不知识上的工作,不知识上的企业。 分子后来可能演化成为目前以四种核苷酸组成造作密码的形式,这是因为当碱基种类较少时,复制的精确性食增加;而碱基种类较多时,增加的则是核酸的催化效能。两种可达成不同目的功能最后在四种碱基的情形下达到最合适数量[109]。

不过关于这种古代遗传系统并没有直接证据,且由于脱氧核糖核酸在环境中无法存留超过一百万年,在溶液中又会逐渐降解成短小的片段,因此大多数化石中并无脱氧核糖核酸可供研究<sup>(110)</sup>。即使如此,仍有一些声称表示已经杀得更古老的DNA,其中一项研究表 示,已从存活于2亿5千万年古老的盐类晶体中的细菌分离出脱氧核糖核酸[111],但此宣布引起了讨论与争议[112][113]。

#### 技术应用 [編輯]

#### 潜传工程 [編集]

参见:分子生物学和遗传工程

重组聚氧核糖核酸技术在现代生物学与生物化学中受到广泛应用,所谓重组DNA,是指集合其他脱氧核糖核酸序列所制成的人造脱氧核糖核酸,可以顺粒或以病毒或体搭或所想要的格式,将脱氧核糖核酸岭型到生物个体中<sup>(114)</sup>。经过遗传改造处置之后的生物体 可用来生产重组蛋白质,以供医学研究使用[115],或是于农业上栽种[116][117]。

# 遗传重组过程中产生的H 构, 图中的红色、蓝色、绿色与黄色分别

#### 法医鉴识 [編集]

法医可利用犯罪现场遗留的血液、精液、皮肤、唾液或毛炎中的脱氧核糖核酸、来辨识可能的加害人。此过程称为遗传指纹分析或脱氧核糖核酸种征测定。此分析方法比较不同人类个体中许多的重复脱氧核糖核酸片段的长度,这些脱氧核糖核酸片段包括短串联重复序列与小卫星序列等,一般来说是最为可 靠的罪犯辨识技术[118]。不过如果犯罪现场遭受多人的脱氧核糖核酸污染,那么将会变得较为复杂难解[

首先干1984年父展聚集核糖核酸特征测定的人是一名英国湾代学家阿莱克·杰弗里斯<sup>120</sup>。到了1988年,英国的误杀案接取科林·皮奇福克,成为第一位回脱氧核糖核酸特征测定证据而遭定罪者<sup>121</sup>。利用特定宗型犯罪者的脱氧核糖核酸样本,可建立出数据库、帮助司查者解决一些只从现场采集到脱氧核 糖核酸样本的旧案件。此外,脱氧核糖核酸特征测定也可用来辨识重大灾害中的罹难者[122]。

另外,有保险公司利用DNA签识技术、以确认理赔责任归属。相关事例包括:年仅16岁的合演少年Lien-Yang Lee于2013年9月在澳洲遭遇在祸。他在申报保险理赔时声称。事故发生时他是坐后排棄客產上;不过。RACQ保险公司指驾驶座前安全气囊上血迹的DNA。是属于Lien-Yang Lee。故推断在车祸发生时他是坐在前排驾驶座上,故此。RACQ保险公司指他涉及诈欺、拒绝支付相关医疗费用:随后昆士兰州高等法院亦于2017年3月确认,Lien-Yang Lee在事故发生时涉及无题驾驶。[123]

#### 历史学与人类学 [編輯]

参见:系统发生学和遗传系谱学

由于股氧核糖核酸在经历一段时间后金织聚一些具有遗传能力变变。因此其中所包含的历史信息,可控由股氧核糖核酸序列的比较,使遗传学家了解生物体的演化历史,也就是种系<sup>[124]</sup>。这些研究是系统发生学的一部分,也是演化生物学上的有利工具。假如"物种以内范围的股氧核糖核酸序列进行比较,那么群体遗传学家或可得知特定族群的历史。此方法的应用范围可从生态遗传学到人类学,举例而言,股重核糖核酸性经验,以由于支援<sup>[125]</sup>。DNA也可以用来调查现代家族的永威关系,例如建构莎丽·海明斯与托马斯·杰曼逊的后代之间的家族关系,研究方式则与上述的犯罪调查相当类似,因此有时候某些犯罪调查案件之所以能解决,是因为犯罪现场的股氧核糖核酸与犯罪者亲属的股氧核糖核酸相将<sup>[127]</sup>。

#### 生物信息学 [編集]

生物信息学影响了脱氧核糖核酸序列数据的运用,搜索与数据挖掘工作,并没展出各种用于储存并搜索脱氧核糖核酸序列的技术。可过一步应用于计算机科学,尤其是字串搜索算法,机器学习以及数据库理论<sup>[128]</sup>。字串搜索或比对算法是从较大的序列或较多的字母中,寻找中一序列或少数字母的出现位置。可灾展用来搜索特定的核苷酸序列<sup>[129]</sup>。在其他如文本编辑器的应用里,通常可用简单的算法来解决问题,但只有少量可辨识特征的脱氧核糖核酸序列,却造成这些算法的运作不良。序列比对则试图辨识出同源序列,并定位出使这些序列产生差异的特定类交位置,其中的多重序列比对技术可用来研究 种多发生头系及蛋白质的功能[130]。中卷个基因组所构成的数据含有的大量影響核難核酸序列,例如人类基因组计划的研究对象,芜蒌将每个华色体上的每个基因,以及信言调控基因的位置概括示出来。 命相当用意,则能核糖核酸序列上具有蛋白质或RNA编码特征的区域。 可利用基因识别复杂辨识出来 使研究者得以在进行实验以前, 就预测出生物体内可能表现出来的特殊基因产物[131]

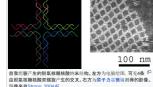
#### 脱氧核糖核酸与电脑 [編輯]

参见: DNA运算

股氧核糖核酸最早在运算上应用,是解决了一个属于NP完全的小型直接汉弥尔顿路径问题<sup>[132]</sup>。股氧核糖核酸可作方"软件",将信息写成核苷酸序列;并以酶或其他分子作为"硬件"进行该取或修饰。举例来说,作为硬件的限制酶Foxi可以搭 於果我感性故說了不出為了上記所,是於大了一下漢下分面的小型但據以外小院總程同經。"。就是我都被說明刊了以外,特別多多我就有讓於外,不知期多為我了讓於了什么模型,但不过,就就解除。中时来说,非分戰中國國軍在認道非 我一段具有软件功能的GCATG序列脫重核糖核酸,再以其他的脫氧核糖核酸片段进行输入,并与软硬件复合物产生反应,最后输出另一段股氧核糖核酸[<sup>133</sup>]。这种类似因贵机的装置可应用于药物治疗。此外脱氧核糖核酸运算有在能源消耗、空间需求以及效率上伏于电子电脑,且股氧核糖核酸运算分别有限,省官利用股氧核糖核酸运算做过分 据<sup>134</sup>。由于小巧紧密的特性,脱氧核糖核酸运算分别。

#### 脱氢核糖核酸与纳米科技 [編集]

脱氧核糖核酸的分子性质,例如自我组装特性,使其可用于某些你米尺度的建构技术,例如利用脱氧核糖核酸作为模板。可导引半导体晶体的生长<sup>[136]</sup>。或是利用脱氧核糖核酸本乌,来制成一些特殊结构,例如由脱氧核糖核酸长性交叉形成 的脱氧核糖核酸"瓦片"(如e)<sup>[137]</sup>或是多面体<sup>[138]</sup>。此外也可以做出一些可活动的元件,例如你米机械开关,此机械可经由使脱氧核糖核酸在不同的光学异构物(B型与2型)之间进行转变,而使构形发生变化,导致开关的开启或关闭<sup>[130]</sup>。还 有一种脱氧核糖核酸机械含有突似钡子的构造,可加入外来脱氧核糖核酸使银子开合,并排出皮物脱氧核糖核酸。此时脱氧核糖核酸的作用类似"燃料"<sup>[140]</sup>。脱氧核糖核酸所建构出来的装置,也可用来作为上述的脱氧核糖核酸运算工具。



# 历史 [編輯]

参见:分子生物学史

最早分离出股氧核糖核酸的弗雷德里希·米歇尔是一名瑞士医生。他在1869年,从皮弃绷带里所残留的底液中,发现一些只有显微镜可观察的物质。由于这些物质位于细胞核中,因此米歇尔称之为"核素"(nuclein)<sup>[141]</sup>。到了1919年,菲巴斯·利文进一步辨识出组成脱氧 本一7 / 中心以来现代他的知识对于地域是也"不成"之来"心理工商生"。现在1909年,从沙手带带里的推销的影波中,发现一些只有影教镜可观察的物说。由于这些物质位于细胞核中,因此发散尔林之为"核素"(nuclein)<sup>[141]</sup>。到了1919年,菲巴斯·科文进一步排出出组成影线 核糖核酸的磷基、糖类以及磷酸核苷酸中元<sup>[142]</sup>。他认为胶氧核糖核酸可能是许多核苷酸丝由磷酸基团的联络,而串联在一起。不过他所提出概念中,脱氧核糖核酸长链较短,且其中的磷基是以固定顺序重复排列。1937年,威廉·阿斯特伯里完成了第一张光彩材料。 例明了胶氧核糖核酸结构的现状性性<sup>[143]</sup>。

1928年,弗雷德里克 格里菲斯从格里菲斯实验中没现。平滑型的肺炎球菌,能转变成为粗糙型的同种细菌,方法是将已死的平滑型与粗糙型活体混合在一起。这种现象称为"转型"。但造成此现象的因子,也就是脱氧核糖核酸,是直到1943年,才由奥斯瓦尔德·埃弗里等 人所辩出法者<sup>[140]</sup>, 1963年,阿弗雷德·赫希与冯多·索斯佛认了股级技趣被服务的遗传功能,他们在赫希·索斯实验中交现。数据被推核服务[12/框窗体的遗传物版[140]。 到了1953年,当时在卡文迪许实验室的詹姆斯·沃森与佛朗西斯·克里克·依据伦敦国工学院的罗莎琳·富兰克林斯拍摄的光代衍射图<sup>[140]</sup>及相关数据,提出了<sup>[140]</sup>最早的核酸分子结构精确模型,并没表于(自然)期刊<sup>[0]</sup>。五篇关于此模型的实验证据论文,也同时以同一主

克里克在1957年的一场演说中,提出了分子生物学的中心法则,预测了脱氧核糖核酸、RNA以及蛋白质之间的关系,并用述了"转接子假说"(即后来的IRNA)<sup>[153]</sup>。1958年、马修·梅瑟生与富兰克林·史达在梅瑟生-史达实验中,确认了脱氧核糖核酸的复制机制<sup>1</sup>克里克团队的研究显示,遗传密码是由三个碱基以不重复的方式所用成。称为密码子,这些密码子所构成的遗传器码,最后是由给"不赢"科拉纳,罗伯特·W·霍利以及马歇尔·沃伦·尼伦伯格伊出<sup>153</sup>点,这些汉明代表了分子生物学的诞生。

为了测出所有人类的脱氧核糖核酸序列,人类基因组计划于1990年代展开。到了2001年、多国合作的国际团队与私人企业塞雷拉基因组公司,分别将人类基因组序列草因发表于(自然)<sup>[156]</sup>与(科学)<sup>[157]</sup>两份期刊。

#### 参 见 「编账

- ,常华色体 遗传性疾病
- . DNA测序
- Southem印迹法
- . DNA微阵列

- . 聚合酶锌式反应
- 泛生论
- X射线衍射法



**经** 

(1) 进传学主题 分子与细胞生物学主

# 参考文献 [編輯]

- 1. ^ Matt Ridley。蔡承志、许使使评。(23/时染色体) (Genome)。商周出版。2000年。ISBN 978-957-667-678-9 2. ^ 28 21 Alberts, Bruce; Alexander Johnson; Julian Lewis; Martin Raft; Kelth Roberts; Peter Walters. Mole New York and London: Garland Science. 2002. ISBN 978-0-8153-3218-3.

- 3. ^ Butler, John M. (2001) Forensic DNA Typing \*Elsevier\* pp. 14 15. ISBN 978-0-12-147951-0.

  4. ^ Mandelkern M. Elias J, Eden D, Crothers D. The dimensions of DNA in solution. J Mol Biol. 1981, 152 (1): 153 61. PMID 7338906 g.

  5. ^ Gregory S; \*\* The DNA sequence and biological annotation of human chromosome 1. Nature. 2006, 441 (7091): 315 21. PMID 16710414 g.

  6. ^ 180 \$1. Watson J, Crick F. Molecular structure of nucleic acids; a structure for deoxyribose nucleic acid. Gran. Nature. 1053, 174 (4366): 737. 64. Watson J, Crick F. Molecular structure of nucleic acids; a structure for deoxyribose nucleic acid (PDF). Nature. 1953, 171 (4356): 737 - 8.
- PMID 10304692@.

  7. \*19.11.12 Berg J., Tymoczko J. and Stryer L. (2002) Biochemistry. W. H. Freeman and Company ISBN 0-7167-4955-8

   \*80.81 Ahhreviations and Symbols for Nucleic Acids, Polynucleotides and their Constituents & IUPAC-IUB Commission.
- Ass 43.4 Abbreviations and Symbols for Nucleic Acids, Polynucleotides and their Constituents of IUPAC-IUB Commission on Biochemical Nomenclature (CBN) Accessed 03 Jan 2006
   Ass 54.6 (Abosh A, Bansal M, A glossary of DNA structures from A to Z. Acta Crystallogr D Biol Crystallogr. 2003, 59 (Pt 4): 620 6. PMID 12657780 of PMID 1265780 of PMI
- A 183 611 音会皇 中学教村全様 工程版 高中生物の修 分子与细胞 JEBM 5787107176708.
   A 183 611 112 113 114 人民教育出版社、生物1 必修 分子与细胞、ISBN 9787107176708.
   A 生命的螺旋 DNA与FRNA® 国立科学工艺博物馆、
- A Takahashi I, Marmur J. Replacement of thymidylic acid by deoxyuridylic acid in the deoxyribonucleic acid of a transducing phage for Bacillus subtilis. Nature. 1963, 197: 794 5. PMID 13980287 @. 14. Agris P. Decoding the gend me: a modified viewr@ Nucleic Acids Res. 2004. 32 (1): 223 - 38. PMID 147159216
- 表源:PDB 1D65₫ 16. ^ Wing R, Drew H, Takano T, Broka C, Tanaka S, Itakura K, Dickerson R. Crystal structure analysis of a complete turn of B-DNA. Nature. 1980, 287
- (5784): 755 8. PMID 7432492 &.
  17. \* Pabo C, Sauer R. Protein-DNA recognition. Annu Rev Biochem: 293 321. PMID 6236744 &.

- 19. ^ Clausen-Schaumann H, Rief M, Tolksdorf C, Gaub H. Mechanical stability of single DNA molecules . Biophys J. 2000, 78 (4): 1997 2007. PMID
- 20. A Chalikian T. Völker J. Plum G. Breslauer K. A more unified picture for the th ues & Proc Natl Acad Sci LLS A 1999 96 (14): 7853 - 8 PMID 10393911 &

- 76. A Sandman K, Pereira S, Reeve J. Diversity of prokaryotic chromosomal proteins and the origin of the nucleosome. Cell Mol Life Sci. 1998, 54 (12): 1350-64. PMID 9893710 d.

  77. ^ Dame RT. The role of nucleoid-associated proteins in the organization and compaction of bacterial chromatin. Mol. Microbiol. 2005, 56 (4): 858-70.
- ^ Luger K, Mäder A, Richmond R, Sargent D, Richmond T. Crystal structure of the nucleosome core particle at 2.8 A resolution. Nature. 1997, 389
  (6648): 251–60. PMID 93058376.
- 8648): 251–60. PMID 9305837∦. <sup>1</sup> Jenuwein T, Allis C. Translating the histone code. Science. 2001, **293** (5532): 1074–80. PMID 11498575₡
- 80. A Ito T. Nucleosome assembly and remodelling. Curr Top Microbiol Immunol: 1-22. PMID 12596902 &
- Thomas J. HMG1 and 2: architectural DNA-brinding proteins. Biochem Soc Trans. 2001, 29 (Pt 4): 395-401. PMID 114979966
   Grosschedt R, Glese K, Pagel J. HMG domain proteins: architectural elements in the assembly of nucleoprotein structures. Tri (3): 94-100. PMID 81783716
   A' Iffode C, Daniely Y, Borowiec J. Replication protein A (RPA): the eukaryotic SSB. Crit Rev Biochem Mol Biol. 1999, 34 (3): 141-
- tion protein A (RPA): the eukaryotic SSB. Crit Rev Biochem Mol Biol. 1999, 34 (3): 141-80.
- PMID 10473346@
- 84 ^ 来酒·PDB 1I MBr6
- Alyers L. Komberg R. Mediator of transcriptional regulation. Annu Rev Biochem: 729-49. PMID 10966474.
   AS Spiegelman B, Heinrich R. Biological control through regulated transcriptional coactivators. Cell. 2004, 119 (2): 157-67. PMID 15479634. 87. ^ Li Z, Van Calcar S, Qu C, Cavenee W, Zhang M, Ren B. A global transcriptional regulatory role for c-Myc in Burkitt's lymphoma cells & Proc Natl
- Acad Sci U S A. 2003. 100 (14): 8164-9. PMID 12808131 @.
- 88. ^ Pabo C, Sauer R. Protein-DNA recognition. Annu Rev Biochem: 293-321. PMID 6236744 @.
- Paul C, Salet R. Picter-Diver recognition. Anim Rev Biochem. 28–321. Philip 52:301446.
   A Created from PDB 1RVA@.
   A Bickle T, Krüger D. Biology of DNA restriction @. Microbiol Rev. 1993, 57 (2): 434–50. PMID 8336674 @.
   A 91. 91.1 Deherty A, Suh S. Structural and mechanistic conservation in DNA ligases. @. Nucleic Acids Res. 2000, 28 (21): 4051–8. PMID 11058099 @.
- Schoeffer, A. Berger J. Recent advances in understanding structure-function relationships in the type II topoisomerase mechanism. I Trans. 2005, 33 (Pt. 6): 1465–70. PMID 16246147 g/.
   A "Luteja N, Tuteja R. Unraveling DNA helicases. Motif, structure, mechanism and function g/. Eur J Blochem. 2004, 271 (10): 1849–63.
- 94. ^ Joyce C, Steitz T. Polymerase structures and function: variations on a theme? €. J Bacteriol. 1995, 177 (22): 6321–9. PMID 7592405 €.
- 95. A Hubscher U, Maga G, Spadari S, Eukaryotic DNA polymerases, Annu Rev Bjochem; 133-63. PMID 1

- ^ deHaseth P, Helmann J. Open complex formation by Escherich double helical DNA. Mol Microbiol. 1995, 16 (5): 817 24. PMID
- 22. ^ Isaksson J, Acharya S, Barman J, Cheruku P, Chattopadhyaya J. Single-stranded adenine-rich DNA and RNA retain structural characteris their respective double-stranded conformations and show directional differences in stacking pattern. Biochemistry, 2004. 43 (51): 15996 - 6010. PMID 15609994 @
- A Hüttenhofer A, Schattner P, Polacek N. Non-coding RNAs: hope or hype?. Trends Genet. 2005, 21 (5): 289 97. PMID 15
- Munroe S. Diversity of antisense regulation in eukaryotes: multiple mechanisms, emerging patterns. J Cell Biochem. 2004, 93 (4): 664 71. PMID
- 15389973₺
- 25. ^ Makalowska I, Lin C, Makalowski W. Overlapping genes in vertebrate genomes. Comput Biol Chem. 2005, 29 (1): 1 12. PMID 15680581 26. A Johnson Z, Chisholm S. Properties of overlapping genes are conserved across microbial genomes. Genome Res. 2004, 14 (11): 2268 – 72. PMID
- \*Lamb R, Horvath C. Diversity of coding strategies in influenza viruses. Trends Genet. 1991, 7 (8): 261 6. PMID 1771674 &.

  \* Davies J, Stanley J. Geminivirus genes and vectors. Trends Genet. 1989, 5 (3): 77 81. PMID 2680364 &.

  \* Barris K, Pannakan and Santan Control of the Control of
- 29. A Berns K. Parvovirus replication. Microbiol Rev. 1990. 54 (3): 316 29. PMID 2215424&
- A Benhan C, Mielke S, DNA mechanics, Annu Rev Biomed Eng. 21 53. PMID 16004565@.
   A 1.0 A Benhan C, Mielke S, DNA mechanics Annu Rev Biomed Eng. 21 53. PMID 16004565@.
   A 31.0 31.1 Champoux J. DNA topoisomerases: structure, function, and mechanism. Annu Rev Biochem: 369 413. PMID 11395412@
- 32. ^32.0 32.1 Wang J. Cellular roles of DNA topoisomerases: a molecular perspective. Nat Rev Mol Cell Biol. 2002, 3 (6): 430 40. PMID 120427
- 33. A33.0 33.1 Hayashi G, Hagihara M, Nakatani K. Application of L-DNA as a molecular tag. Nucleic Acids Symp Ser (Oxf). 2005, 49: 261 262. PMID 17150733%
- n JM, Eichman BF, Ho PS. The extended and eccentric E-DNA structure induced by cyto ^ Vargason JM, Eichman BF, Ho Biology. 2000, **7**: 758 – 761. PMII

- Assu H, Feuerstein B, Zarling D, Shafer R, Marton L. Recognition of Z-RNA and Z-DNA determinants by polyamines in solution: experi theoretical studies. J Biomol Struct Dyn. 1988, 6 (2): 299 309. PMID 2482766 6.
- 39. ^ Leslie AG, Arnott S, Chandrasekaran R, Ratliff RL. Polymorphism of DNA double helices. J. Mol. Biol. 1980, 143 (1): 49-72. PMID 7441761@
- Wahi M, Sundaralingam M. Crystal structures of A-DNA duplexes. Biopolymers. 1997, 44 (1): 45 63. PMID 9997733 &.
  Lu XJ, Shakked Z, Olson WK. A-form conformational motifs in ligand-bound DNA structures. J. Mol. Biol. 2000, 300 (4): 819–40. PMID 10891271 &.
- 42. A Rothenburg S, Koch-Nolte F, Haag F. DNA methylation and Z-DNA formation as mediators of quantitative differences in the expression of alleles. Immunol Rev: 286 - 98, PMID 12086319@
- 43. A Oh D, Kim Y, Rich A, Z-DNA-binding proteins can act as potent effectors of gene expression in vivo 8. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 2002. 99 (26): 16666\_71 PMID 12486233#2
- 未自NDB UDD0176 互联网相楽馆的存档点。存档日期2007-10-12 45.0 45.1 Greider C, Blackburn E. Identification of a specific telomere terminal transferase activity in Tetrahymena extracts. Cell. 1985, **43** (2 Pt 1): 405 - 13. PMID 3907856 €
- 46. ^46.0 46.1 46.2 Nugent C, Lundblad V. The telomerase reverse transcriptase: components and regulation . Genes Dev. 1998, 12 (8): 1073 85. PMID 9553037 g
- 1997, **11** (21): 2801 9. PMID 93532508
- 48.0 48.1 Burge S, Parkinson G, Hazel P, Todd A, Neidle S. Quadruplex DNA: sequence, topology and structure & Nucleic Acids Res. 2006, 34 (19): 5402 - 15. PMID 17012276 @
- 49. A Parkinson G, Lee M, Neidle S. Crystal structure of parallel quadruplexes from human telomeric DNA. Nature. 2002, 417 (6891): 876 80. PMID
- senfield S, Stansel R, Bianchi A, Moss H, de Lange T. Mammalian telomeres end in a large duplex loop. Cell. 1999, 97 (4): 503 - 14. PMID 10338214@
- 51. A Klose R. Bird A. Genomic DNA methylation: the mark and its mediators. Trends Biochem Sci. 2006. 31 (2): 89-97. PMID 16403636@

- 51. \* Nuss R, Diu A, Gelionic Drive metriyation in the mark at in its inequalities. Trends bottomer 52, 200, 31 (2), 68-97. Finite 1940-3559.

  52. \* Bird A, DN, methylation patterns and epignentic memory, Genes bev. 2002, 16 (1): 6-21. PMID 11570853.9.

  53. \* Walsh C, Xu G, Cytosine methylation and DNA repair. Curr Top Microbiol Immunol; 283–315. PMID 16570853.9.

  54. \* Ratel D, Ravanat J, Berger F, Wion D. N6-methyladenine: the other methylated base of DNA. Bioessays. 2006, 28 (3): 309–15. PMID 16479578.9.
- A Gommers-Ampt J, Van Leeuwen F, de Beer A, Vilegenthart J, Dizdaroglu M, Kowalak J, Crain P, Borst P. beta-D-glucosyl-hydroxymethyluracil: a novel modified base present in the DNA of the parasitic protozoan T. brucel. Cell. 1993, 75 (6): 1129–36. PMID 8261512 6.
- \*\*Douk! T, Reynaud-Angelin A, Cadet J, Sage E. Bipyrimidine photoproducts rather than oxidative lesions are the main type of DNA damage inv in the genotoxic effect of solar UVA radiation. Biochemistry. 2003, 42 (30): 9221–6. PMID 12885257 6.
- 58. ^ Cadet J, Delatour T, Douki T, Gasparutto D, Pouget J, Ravanat J, Sauvaigo S. Hydroxyl radicals and DNA base damage. Mutat Res. 1999, 424 (1– 2): 9-21. PMID 10064846@
- \* Shigenaga M, Gimeno C, Ames B. Urinary 8-hydroxy-2'-de Acad Sci U S A. 1989, **86** (24): 9697–701. PMID 2602371£.
- ^ Cathcart R, Schwiers E, Saul R, Ames B. Thymine glycol and thymidine glycol in human and rat urine: a possible assay for oxidative D damage PFP. Proc Natl Acad Sci U S A. 1984, 81 (18): 5633–7. PMID 6592579@.
- 61. A Valerie K, Povirk L. Regulation and mechanisms of mammalian double-strand break repair. Oncogene. 2003, 22 (37): 5792–812.
- ^ Ferguson L, Denny W. The genetic toxicology of acridines. Mutat Res. 1991, 258 (2): 123–60. PMID 1881402 &
- Jeffrey A. DNA modification by chemical carcinogens. Pharmacol Ther. 1985, 28 (2): 237-72. PMID 39360666
- 64. \* Stephens T, Bunde C, Fillmore B. Mechanism of action in thalidomide teratogenesis. Biochem Pharmacol. 2000, 59 (12): 1489–99.
- 65. A Braña M, Cacho M, Gradillas A, de Pascual-Teresa B, Ramos A. Intercalators as anticancer drugs. Curr Pharm Des. 2001, 7 (17): 1745–80
- Venter J; %. The sequence of the human genome. Science. 2001, **291** (5507): 1304–51. PMID 111819
- 67. A Thanbichler M, Wang S, Shapiro L. The bacterial nucleoid: a highly organized and dynamic structure. J Cell Biochem. 2005, 96 (3): 506–21.
- ^ Wolfsberg T, McEntyre J, Schuler G. Guide to the draft human genome. Nature. 2001, 409 (6822): 824–6. PMID 11236
- Gregory T. The C-value enigma in plants and animals: a review of parallels and an appeal for partnership@. Ann Bot (Lond). 2005, 95 (1): 133-46. MID 15596463.
- 70. ^ The ENCODE Project Consortium. Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilot project. Nature. 2007, 447 (7146): 799-816. doi:10.1038/nature05874@
- nere function (PDF). Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci. 2005, 360 (1455): 569-79
- 73. ^ Harrison P, Hegyi H, Balasubramanian S, Luscombe N, Bertone P, Echols N, Johnson T, 马克·本德·歌诗坦, M
- identification and analysis of the pseudogenes in chromosomes 21 and 22g. Genome Res. 2002, 12 (2): 272–80. PMID 11827946 g. 74. ^ Harrison P. 马克·本德·歌诗组. Studying genomes through the aeons: protein families, pseudogenes and proteome evolution. J Mol E me evolution J Mol Riol 2002 318
- 75. Albà M. Replicative DNA polymerases & Genome Biol. 2001, 2 (1): REVIEWS3002. PMID 11178285 &

- 97. A Tarrago-Litvak L, Andréola M, Nevinsky G, Sarih-Cottin L, Litvak S. The reverse transcriptase of HIV-1: from enzymology to the one, FASEB J. 1994. 8 (8): 497-503. PMID 7514143 6.
- 98. ^ Martinez E. Multi-protein complexes in eukaryotic gene transcription. Plant Mol Biol. 2002, 50 (6): 925–47. PMID 12516863@
- some territories, nuclear architecture and gene regulation in mammalian cells. Nat Rev Genet. 2001, 2 (4): 292-301.
- 101. ^ Pál C, Papp B, Lercher M, An integrated view of protein evolution. Nat Rev Genet, 2006, 7 (5): 337-48. PMID 166190496
- out M, Jeggo P. The role of double-strand break repair insights from human genetics. Nat Rev Genet. 2006, **7** (1): 45–54.
- 103. A Vispé S, Defais M. Mammalian Rad51 protein: a RecA homologue with pleiotropic functions. Biochimie. 1997, 79 (9-10): 587–92. PMID 9466696
- 104. ^ Neale MJ, Keeney S, Clarifying the mechanics of DNA strand exchange in meiotic recombination, Nature, 2006. 442 (7099): 153-8.
- 10.5 ^ Dickman, Nigoleston S, Sedelnikova S, Rafferty J, Lloyd R, Grasby J, Homby D. The RuvABC resolvasome. Eur J Blochem. 2002, 269 (22): 5492–501. PMID 12/2/3347 @.
- A Joyce G. The antiquity of RNA-based evolution. Nature. 2002, 418 (6894): 214–21. PMID 121108
- 107. ^ Orgel L. Prebiotic chemistry and the origin of the RNA world RPPs. Crit Rev Biochem Mol Biol: 99-123. PMID 15217990g. (原始内容 PDF)存档 ±2007-07-10).
- Davenport R. Ribozymes. Making copies in the RNA world. Science. 2001, 292 (5520): 1278. PMID 11360970 .

  Szathmáry E. What is the optimum size for the genetic alphabet? Porp. Proc Natl Acad Sci U S A. 1992, 89 (7): 2614–8. PMID 1372984 . 110. A Lindahl T. Instability and decay of the primary structure of DNA. Nature. 1993, 362 (6422): 709-15. PMID 84692826
- 111. A Vreeland R, Rosenzweig W, Powers D. Isolation of a 250 million-year-old haloto lerant bacterium from a primary salt crystal. Nature. 2000, 407
  - (6806): 897-900 PMID 11057666 PM ard M, Phillips M, Willerslev E. Geologically ancient DNA: fact or artefact?. Trends Microbiol. 2005, 13 (5): 212–20. PMID 15866038
- 113. A Nickle D, Learn G, Rain M, Mullins J, Mittler J. Curiously modern DNA for a "250 million-year-old" bacterium. J Mol Evol. 2002, 54 (1): 134–7.
- 114. ^ Goff SP, Berg P. Construction of hybrid viruses containing SV40 and lambda phage DNA segments and their propagation in cultured monkey cells Cell. 1976, 9 (4 PT 2): 695-705. PMID 189942@
- nic animal models in biomedical research. Methods Mol Biol: 163–202. PMID 17172731& 116. A Daniell H, Dhingra A. Multigene engineering: dawn of an exciting new era in biotechnology. Curr Opin Biotechnol. 2002, 13 (2): 136–41.
- 117. \* Job D. Plant biotechnology in agriculture. Biochimie, 2002. 84 (11): 1105-10. PMID 12595138@
- 117. 3 ou 5. Hair biolectinology in agriculture. Biochimine. 2002, 36 (1); 1 no 12. Paril D. Famil D. 12991368\*.

  118. ^ Collins A, Mondron N. Likelindor d'allos for DNA (denfification) pop. Proc. Natl Acad Sci. U S. A. 1994, 91 (13); 6007–11. PMID 8016106¢.

  119. ^ Weir B, Triggs C, Starling L, Stowell L, Walsh K, Buckleton J. Interpreting DNA mixtures. J Forensic Sci. 1997, 42 (2): 213–22. PMID 9068179¢.

  120. ^ Jeffreys A, Wilson V, Thein S. Individual-specific 'lingerprints' of human DNA. Nature: 76–9. PMID 2989708¢.
- 121. A Colin Pitchfork first murde viction on DNA evidence also clears the prime suspect@ 互联网档案馆的存档@, 存档日期2006-12-14. Forensic Science Service Accessed 23 Dec 2006
- \*\* DNA Identification in Mass Fatality Incidents & National Institute of Justice. September 2006. (原始内容&存档于2006-11-12)

  \* Legal Frontline 法律前线通讯社、MAY 4 少年无照驾驶佯称交京肇事 --- 血迹DNA掲述言保险公司拒給 &
- 124. A Wray G. Dating branches on the tree of life using DNA¢. Genome Biol. 2002, 3 (1): REVIEWS0001. PMID 11806830¢
- 125. ^ Lost Tribes of Israel, NOVA, PBS airdate: 22 February 2000. Transcript available from PBS.org. @ (last accessed on 4 March 2006)
- \* Kleiman, Yaakov. The CohaminDNA Connection: The fascinating story of how DNA studies confirm an ancient bi (January 13, 2000). Accessed 4 March 2006. 127. ^ Bhattacharya, Shaoni. "Killer convicted thanks to relative's DNA". @ newscientist.com (20 April 2004). Accessed 22 Dec 06

- A Baldi, Pierre, Brunak, Soren, Bioinformatics: The Machine Learning Approach MIT Press (2001) ISBN 978-0-262-02506-5
   A Csusfield, Dan. Algorithms on Strings. Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology. Cambridge University Press, 15
  January 1997. ISBN 978-0-221-65519-4.
- 130. \* Sjölander K. Phylogenomic inference of p 131. ^ Mount DM. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis 2. Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press. 2004.
- 132. ^ Adleman L. Molecular computation of solutions to combinatorial problems. Science. 1994, 266 (5187): 1021–4. PMID 7973651 133. ^ Benenson Y, Paz-Elizur T, Adar R, Keinan E, Livneh Z, Shapiro E. Programmable and autonomous computingmachine made of biomolecules
- Nature. 2001, 414: 430-434. 134. ^ Parker J. Computing with DNA. Ø. EMBO Rep. 2003, 4 (1): 7–10. PMID 12524509 Ø
- 135. A Ashish Gehani. Thomas LaBean and John Reif. DNA-E
- d Cryptography €. Proceedings of the 5th DIMACS Workshop on DNA Based ridge, MA, USA, 14–15 June 1999. Computers, Cambridge, MA, USA, 14–15 June 1999.
  A Coffer, J. L.; 等. Dictation of the shape of mesoscale se
- iconductor nanoparticle assemblies by plasmid DNA. Appl. Phys. Lett. 1996, 69: 3851-3853. 137. A Strong M. Protein Nanomachines. PLoS Biology. 2004. 2: e73.

- 137. " 3 using Mr. Fridein Hadinian Hills. PLDS Solidgy, 2004, 2 et 3.

  138. " Chen J. Seeman NC. Synthesis from DNA of a molecule with the connectivity of a cube. Nature. 1991, 350, 631–633.

  139. " Mao C, Sun W, Shen Z, Seeman NC. A nanomechanical device based on the B-Z transition of DNA. Nature. 1999, 397: 144–146.

  140. " Bernard Yurke, Andrew J. Turberfield, Allen P. Mills, Jr, Friedrich C. Simmel and Jennifer L. Neumann. A DNA-Fuelled Molecular Machine Made of
- DNA. Nature. 2000, 406: 605-608.
- 141. ^ Dahm R. Friedrich Miescher and the discovery of DNA. Dev Biol. 2005. 278 (2): 274–88. PMID 15680349 €
- 142. ^ Levene P., The structure of yeast nucleic acids. J. Biol Chem. 1919, 40 (2): 415–24.
  143. ^ Astbury W., Nucleic acid. Symp. SOC. Exp. Bbl. 1947, 1 (66).
- 144. Avery O, MacLeod C, McCarty M. Studies on the chemical nature of the substance inducing transfor soxyribonucleic acid fraction isolated from pneumococcus type III & J Exp Med. 1944, 79 (2): 137–158.
- 145. A Hershey A, Chase M. Independent functions of viral protein and nucleic acid in growth of b 81234
- 146. 146.0 146.1 Watson J.D. and Crick F.H.C. "A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid". (PDF) Nature 171, 737–738 (1953). Accessed 13 Feb 2007.
- 147. \* Nature Archives Double Helix of DNA: 50 Years @
- 148. ^ Molecular Configuration in Sodium Thymonucleate. Franklin R. and Gosling R.G. Nature 171, 740–741 (1953)Nature Archives Full Text (PDF)问 149. ^ Crystallographic photo of Sodium Thymonucleate, Type B. "Photo 51." M... @. 2012-05-25. (原始内容多符相于2012-05-25). 150. ^ Molecular Structure of Deoxypentose Nucleic Acids. Wilkins M.H.F., A.R. Stokes A.R. & Wilson, H.R. Nature 171, 738–740 (1953)Nature Archives
- 151. ^ Ev idence for 2-Chain Helix in Crystalline Structure of Sodium Deoxyribonucleate. Franklin R. and Gosling R.G. Nature 172, 156-157 (1953)Nature
- Accives, full text (PUP.)。

  152. ^The Nobel Pize in Physiology or Medicine 1962@ Nobelprize .org Accessed 22 Dec 06

  153. ^Crick, F.H.C. On degenerate templates and the adaptor hypothesis (PDF). 直 互联网格案前的存档。存档日期2008-10-01. genome.wellcon (Lecture, 1955). Accessed 22 Dec 2006
- 154. ^ Meselson M, Stahl F. The replication of DNA in Escherichia coli. Proc Natl Acad Sci U S A. 1958, 44 (7): 671–82. PMID 16590258 @.

# 延伸阅读 [編輯]

(申호) 林正焜、洪火树(认识DNA:下一波的医疗革命)。商周出版、2005年。ISBN 978-986-124-428-0

cis H.C. Crick A structure for De

(美文) Rose, Steven. The Chemistry of Life, Penguin, ISBN 978-0-14-027273-4.

- (中文) James D. Watson, 陈正萱、张项评。(双键旋-DNA结构发现者的青春台自)(The Double Helx)。时报出版,1988年。ISBN 978-988-417-077-7 (中文) James D. Watson, 陈正萱、张项评。(双键旋-DNA结构发现者的青春台自)(The Double Helx)。时报出版,1998年。ISBN 978-957-13-2617-7
- (美文) Clayton, Julie. (Ed.). 50 Years of DNA, Palgrave MacMillan Press, 2003. ISBN 978-1-4039-1479-8
- (業文) Judson, Horace Freeland. The Eighth Day of Creation: Makers of the Revolution in Biology, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1996. ISBN 978-0-87969-478-4
- (\$\( \)\$\( \ e Nucleic Acid (PDF). Nature 171, 737-738, 25 April 1953.
- (漢文) Watson, James D. DNA. The Double Helix: A Personal Account of the Discovery of the Structure of DNA (Norton Critical Editions). ISBN 978-0-393-95075-5
- (廣文) Watson, James D. "Avoid boring people and other lessons from a life in science" New York: Random House. ISBN 978-0-375-421844 (#x) Calladine, Chris R.: Drew, Horace R.: Luisi, Ben F. and Travers, Andrew A. Understanding DNA, Elsevier Academic Press, 2003, ISBN 978-0-12-155089-9

# 外部链接 [編輯]

(中文)核酸四-生物化学教学网页

(#\*) Watson James D and Fran

- (中文) 画说DNA @ DNA from the beginning中文版, 以动画介绍DNA (養文) DNA Interactive & - Flash互动式介绍 (養文) DNA from the beginning &
- (美文) The Register of Francis Crick Personal Papers 2 佛朗西斯·克里克的文章
- (英文) (美文) U.S. National DNA Day® - DNA日
- (書本) Genetic Education Modules for Teachers € DNA from the Beginning学习指导 (集文) Listen to Francis Crick and James Watson talking on the BBC in 196 2 1972 and 1974 ©
- (美文) DNA Articles rg 论文与信息收集
- (美文) DNA coiling to form cl (美女) DISPLAR: DNA binding site prediction on prote
- (美文) Dol
- (事主) Ba ated quide to DNA cla
- (美文) DNA the Double Helix Game & 诺贝尔奖官方网站
- (書文) Double Helix 1953-2003 @ 英国国家生物技术教育中心 (美文) Double helix: 50 years of DNA F, Nature (美文) Rosalind Franklin's contributions to the study of DN
- (義文) Dolan DNA Learning Center의 (義文) Olby, R. (2003) "Quiet debut for the double helix" Nature 421 (January 23): 402–405.

**埋乾控制** LCCN: sh85037008 Ø · GND: 4070512-2 Ø · BNF: cb119649178 Ø (数据 Ø) · NDL: 00561484 Ø





维基文库中相关的原始文献 去氧核糖核酸采样条例

查·论·编 查·论·编 核酸种类 査・论・編 请传学

本页面最后修订于2017年12月2日 (星期六) 15:26。

本站的金數文字在知识共享署名-相同方式共享。3.0%以之条款下提供,附加条款亦可能应用(请参阅使用条款)。 Wikipediae和附基百科核思是推基條本基金金的运用商标。报基于是指基據体基金会的商标。 作基據体基金金是在美国條罗里达州登记的501(c)(3)免股,非否相、题答机构。

隐私政策 关于维基百科 免责声明 开发者 Cookie声明 手机版视图

