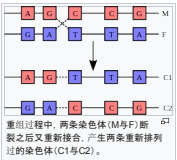


转录作用是由依赖脱氧核糖核酸作为合成模板的**RNA聚合酶**来进行。此类酶可将脱氧核糖核酸长链上的序列复制成RNA版本。为了起始一个基因的转录，RNA聚合酶会先与一段称为**启动子**的脱氧核糖核酸序列结合，并使两股脱氧核糖核酸分离，再将基因序列复制成**信使RNA**，直到到达能使转录结束的**止子**序列为止。如同人类体内依赖脱氧核糖核酸模板的脱氧核糖核酸聚合酶，负责转录人类基因组中大多数基因的RNA聚合酶I，也是大型蛋白质复合物的一部分。此复合物受到多重调控，也含有许多附加的次单位^[8]。

遗传重组 [编辑]

参见：遗传重组



重组过程中，两条染色体（M与F）断裂之后重新组合，产生两条重新排列过的染色体（C1与C2）。

各条脱氧核糖核酸螺旋之间的交互作用不常发生，在人类细胞核里的每个染色体，各自拥有一块称作“染色体领域”的区域^[100]。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^[101]。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断裂的时候^[102]。

同源重组是最常见的染色体互换方式，可发生于两条序列相似的染色体上，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RAD51^[103]，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股断裂^[104]。重组酶可催化一系列步骤，使两条螺旋结合产生**Holliday交叉**，其中每条螺旋中的单脱氧核糖核酸，皆与另一条螺旋上与之互补的脱氧核糖核酸连结在一起，进而形成一种可于染色体内移动的交叉环构造，造成脱氧核糖核酸链的互换。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^[105]。

脱氧核糖核酸生物代谢的演化 [编辑]

脱氧核糖核酸所包含的遗传信息，是有所现代生命机能，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是以RNA作为**遗传物质**^{[106][107]}。RNA可能在早期细胞环境中扮演主要角色，一方面可传递遗传信息；另一方面也可作为**核糖酶**的一部分，进行**催化**作用^[108]。在古代**RNA世界**里，核酶同时具有催化与遗传上的功能，而这些酶，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股断裂^[104]。重组酶可催化一系列步骤，使两条螺旋结合产生**Holliday交叉**，其中每条螺旋中的单脱氧核糖核酸，皆与另一条螺旋上与之互补的脱氧核糖核酸连结在一起，进而形成一种可于染色体内移动的交叉环构造，造成脱氧核糖核酸链的互换。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^[105]。

分子后来可能演化成是目前以四种核苷酸组成遗传密团的形式，这是因为当碱基种类较少时，复制的精确性会增加，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^[110]，即使如此，仍有一些声称表示已获得更古老的DNA，其中一项研究表示，已从存活于2亿6千万年古老的蓝晶虫体中的细胞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 [编辑]

遗传工程 [编辑]

参见：分子生物学和遗传工程

重组脱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**质粒**或以**病毒载体**搭载所想要的格式，将脱氧核糖核酸**转型**到生物个体中^[114]。经过**遗传改造**处理之后的生物体，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]}。

法医鉴识 [编辑]

参见：遗传信息分析

法医可利用犯罪现场遗留的**血液**、**精液**、**皮肤**、**唾液**或**毛发**中的脱氧核糖核酸，来辨识可能的加害人。此过程称为**遗传信息分析**或**脱氧核糖核酸特征测定**，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]，不过如果犯罪现场受多人的脱氧核糖核酸污染，那么将会变得较为复杂难解^[119]。

首先于1984年发展脱氧核糖核酸特征测定的人是一名英国遗传学家**阿莱克·杰弗里斯**^[120]。到了1989年，英国的谋杀案嫌犯**科林·皮奇福克**，成为第一位因脱氧核糖核酸特征测定证据而遭定罪者^[121]，利用特定类型犯罪者的脱氧核糖核酸样本，可建立出数据库，帮助调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鉴识技术，以确认理赔责任归属。相关事例包括：年仅16岁的台湾少年Lien-Yang Lee于2013年9月在澳洲遭遇车祸，他在申报保险理赔时声称，事故发生时他是坐在后排乘客座上；不过，RACQ保险公司指驾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**无照驾驶**。^[123]

历史学与人类学 [编辑]

参见：系统发生学和遗传谱系学

由于脱氧核糖核酸在经历一段时间后会累积一些具有遗传能力突变，因此其中所包含的历史信息，可经由脱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**^[124]。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。假如对物种以内范围的脱氧核糖核酸序列进行比较，那么**群体遗传学**就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，脱氧核糖核酸证据已被试图用来寻找**失落的以色列十支派**^{[125][126]}。DNA也可以用来调查现代家族的亲戚关系，例如建构**牙买·海明斯与托马斯·麦斐**的后代之间的家族关系，研究方法则与上述的犯罪调查相类似，因此有时候某些犯罪调查案件之所以能解决，是因为犯罪现场的脱氧核糖核酸与犯罪者亲属的脱氧核糖核酸相符^[127]。

生物信息学 [编辑]

参见：生物信息学

生物信息学影响了脱氧核糖核酸序列数据的运用、探索与**数据挖掘**工作，并发展出各种用于储存并搜索脱氧核糖核酸序列的技术，可进一步应用于**计算机科学**，尤其是**字符串搜索算法**、**机器学习**以及**数据库理论**^[128]。字符串搜索或比对算法是从较大的序列或较多的字母中，寻找单一序列或少数字母的出现位置，可发展用来搜索特定的核苷酸序列^[129]，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大问题，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**突变**位置，其中的**多重序列比对**技术可用来研究**种系发生**关系及蛋白质的功能^[130]。由整个基因组所构成的数据含有大量的脱氧核糖核酸序列，例如**人类基因组计划**的研究对象。若要将每个染色体上的每个基因，以及负责调控基因的位置都标示出来，会相当困难，脱氧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**算法辨识出来，使研究者得以进行实验追踪，就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 [编辑]

参见：DNA运算

脱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**^[132]，脱氧核糖核酸可作为“**软件**”，将信息写成核苷酸序列；并以脂或其他分子作为“**硬件**”进行读取或修饰。举例来说，作为硬件的**限制酶FokI**可以搭载一段具有软件功能的GGATG序列脱氧核糖核酸，再以其他的脱氧核糖核酸片段进行输入，并与软硬件复合物产生反应，最后输出另一段脱氧核糖核酸^[133]，这种类似**图灵机**的装置可应用于**药物治疗**。此外，脱氧核糖核酸运算在能源消耗、空间需求以及效率上优于电子电脑，且脱氧核糖核酸运算具有高度平行（见**并行运算**）的计算方式。许多其他问题，包括多种**抽数机**的模拟、**布尔可满足性问题**，以及有界形式的**旅行推销员问题**，皆曾利用脱氧核糖核酸运算做过分析^[134]，由于小巧简明的特性，脱氧核糖核酸也成为**密码学**理论的一部分，尤其在于能够利用脱氧核糖核酸有效地建构并使用无法破解的**一次性密码本**^[135]。

脱氧核糖核酸与纳米科技 [编辑]

参见：DNA纳米科技

脱氧核糖核酸的分子性质，例如**自我组装**特性，使其可用于某些纳米尺度的建构技术，例如利用脱氧核糖核酸作为模板，可引导**半导体晶体**的生长^[136]，或是利用脱氧核糖核酸本身，来制成一些特殊结构，例如由脱氧核糖核酸长链交叉形成的脱氧核糖核酸“瓦片”（tile）^[137]或是**多面体**^[138]，此外也可以做出一些可活动的元件，例如纳米机械开关，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Z型）之间进行转变，而使结构发生变化，导致开关的开启或关闭^[139]，还有一种脱氧核糖核酸机械含有类似锁子的构造，可加入外来脱氧核糖核酸使锁子开合，并排出废物脱氧核糖核酸，此时脱氧核糖核酸的作用类似“燃料”^[140]。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 [编辑]

参见：分子生物学史

最早分离出脱氧核糖核酸的**弗雷德里希·米歇尔**是一名**瑞士**医生，他在1869年，从废弃细胞里所残留的**脓液**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）^[141]，到了1919年，**菲巴斯·利文**进一步辨识出组成脱氧核糖核酸的碱基，糖类以及**磷酸核苷酸单元** ^[142]，他认为脱氧核糖核酸可能是许多核苷酸经由磷酸基团的联结，而串联在一起。不过他所提出概念中，脱氧核糖核酸链长较短，且其中的碱基是以固定顺序重复排列。1937年，**威廉·阿斯特伯克**完成了第一张**X射线衍射**图，阐明了脱氧核糖核酸结构的规律性^[143]。

1928年，弗雷德里希·格里菲斯从**格里菲斯实验**中发现，平滑型的肺炎链菌，能转变成粗糙型的同时细菌，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**等人所辨识出来^[144]。1953年，**阿弗雷德·赫奇**与**玛莎·斯宾纳**了脱氧核糖核酸的**遗传**功能，他们在**赫希-斯宾纳实验**中发现，脱氧核糖核酸是T2噬菌体的**遗传物质**^[145]。

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**伦敦国王学院**的**罗莎琳·富兰克林**所拍摄的**X光衍射图**^[146]及相关数据，提出^[146]最早的**核酸分子结构**精确模型，并发表于**《自然》期刊**^[147]。五篇关于此模型实验论证论文，也同时以同一主题发表于**《自然》**^[147]，其中包括富兰克林与**雷蒙·葛斯林**的论文^[148]，此文所附带的X光衍射图^[148]，是沃森与克里克阐明脱氧核糖核酸结构的关键证据。此外**莫里斯·威尔金斯**团队也是同期论文的作者者之一^[150]，富兰克林与葛斯林随后又提出了A型与B型脱氧核糖核酸双螺旋结构之间的差异^[151]。1962年，沃森、克里克以及威尔金斯共同获得了**诺贝尔生理学或医学奖**^[152]。

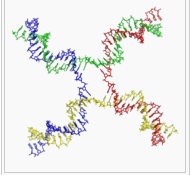
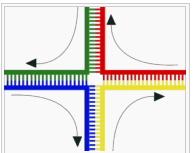
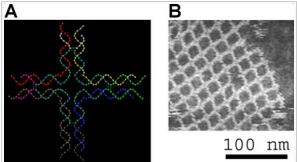
克里克在1957年的一场演讲中，提出了**分子生物学的中心法则**，预测了脱氧核糖核酸、RNA以及蛋白质之间的关系，并阐述了“转换器假说”（即后来的**mRNA**）^[153]。1958年，**马修·梅森**与**富兰克林·史达**在**梅森生·史达实验**中，确认了脱氧核糖核酸的复制机制^[154]，后来克里克团队的研究显示，遗传密码是由三个碱基以不重叠的方式所组成，称为密码子，这些密码子所构成的**遗传密码**，最后是由**哈尔·克劳拉**、**罗伯特·W·霍利**以及**马歇尔·尼伦伯**格解出^[155]。这些发现代表了分子生物学的诞生。

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**塞拉基因组公司**，分别将**人类基因组**序列草图发表于**《自然》**^[156]与**《科学》**^[157]两份期刊。

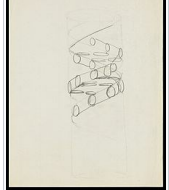
参见 [编辑]

- 常染色体**
- 遗传性疾病**
- DNA测序**
- Southern印迹法**
- DNA阵列**
- 聚合酶链式反应**
- 减数分裂**
- 泛生论**
- X射线衍射法**

DNA阵列


 遗传重组过程中产生的Holliday交叉结构，图中的红色、蓝色、绿色与黄色分别表示四条不同的DNA长链^[100]。

 自然产生出的脱氧核糖核酸纳米结构。左方为电脑绘图，可见**4条**由脱氧核糖核酸双螺旋产生的交叉，右方为源于**电子显微镜**测得的身影。图像来自Strong, 2004 ^[4]。


双螺旋模型的共同创作者，詹姆斯·沃森和佛朗西斯·克里克（右），他们与Madyen McCart（左）。


 在1953年由詹姆斯·克里克画的DNA双螺旋结构的铅笔素描。^[4]


参考文献 [编辑]

- ↑ Matt Ridley, 蔡嘉志、许优悦译,《23对染色体》(*Genome*)，商周出版，2000年，ISBN 978-957-667-678-9
- ↑ 2 3 4 Alberts, Bruce, Alexander Johnson, Julian Lewis, Martin Raff, Keith Roberts, Peter Walters. *Molecular Biology of the Cell; Fourth Edition*. New York and London: Garland Science, 2002. ISBN 978-0-8153-3218-3.
- ↑ Butler, John M. (2001) *Forensic DNA Typing* "Elsevier", pp. 14 – 15. ISBN 978-0-12-147951-0.
- ↑ Mandelkern M, Elias J, Eden D, Crothers D. The dimensions of DNA in solution. *J Mol Biol*. 1981; **152** (1): 153 – 61. PMID 7338906.
- ↑ Gregory S; 等. The DNA sequence and biological annotation of human chromosome 1. *Nature*. 2006; **441** (7091): 315 – 21. PMID 16710414.
- 1 2 Watson J, Crick F. Molecular structure of nucleic acids; a structure for deoxyribose nucleic acid. *Proc R Soc Lond B Biol Sci*. 1953; **171** (4356): 737 – 8. PMID 13054692.
- ↑ 7 8 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65 66 67 68 69 70 71 72 73 74 75 76 77 78 79 80 81 82 83 84 85 86 87 88 89 90 91 92 93 94 95 96 97 98 99 100 101 102 103 104 105 106 107 108 109 110 111 112 113 114 115 116 117 118 119 120 121 122 123 124 125 126 127 128 129 130 131 132 133 134 135 136 137 138 139 140 141 142 143 144 145 146 147 148 149 150 151 152 153 154 155 156 157 158 159 160 161 162 163 164 165 166 167 168 169 170 171 172 173 174 175 176 177 178 179 180 181 182 183 184 185 186 187 188 189 190 191 192 193 194 195 196 197 198 199 200 201 202 203 204 205 206 207 208 209 210 211 212 213 214 215 216 217 218 219 220 221 222 223 224 225 226 227 228 229 230 231 232 233 234 235 236 237 238 239 240 241 242 243 244 245 246 247 248 249 250 251 252 253 254 255 256 257 258 259 260 261 262 263 264 265 266 267 268 269 270 271 272 273 274 275 276 277 278 279 280 281 282 283 284 285 286 287 288 289 290 291 292 293 294 295 296 297 298 299 300 301 302 303 304 305 306 307 308 309 310 311 312 313 314 315 316 317 318 319 320 321 322 323 324 325 326 327 328 329 330 331 332 333 334 335 336 337 338 339 340 341 342 343 344 345 346 347 348 349 350 351 352 353 354 355 356 357 358 359 360 361 362 363 364 365 366 367 368 369 370 371 372 373 374 375 376 377 378 379 380 381 382 383 384 385 386 387 388 389 390 391 392 393 394 395 396 397 398 399 400 401 402 403 404 405 406 407 408 409 410 411 412 413 414 415 416 417

分类: DNA | 遗传学 | 螺旋 | 散射

本页面最后修订于2017年12月2日 (星期六) 15:28。

本站的全部文字在知识共享 **署名-相同方式共享 3.0**协议之条款下提供。附加条款亦可能应用 (请参阅**使用条款**)。
Wikipedia®和维基百科标志是**维基媒体基金会**的注册商标；维基™是维基媒体基金会的商标。
维基媒体基金会是在美国佛罗里达州登记的501(c)(3)**免税**、非营利、慈善机构。

[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](#)

