

<<基因计算>>

图书基本信息

书名：<<基因计算>>

13位ISBN编号：9787544405256

10位ISBN编号：7544405257

出版时间：2005-12

出版时间：第1版 (2005年12月1日)

作者：钟杨

页数：177

字数：105000

版权说明：本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问：<http://www.tushu007.com>

<<基因计算>>

内容概要

生命科学自上世纪50年代进入分子生物学时代以来，基因科学突飞猛进，新概念、新名词日新月异，与时俱增。

基因也成为运用次数最多的字眼之一。

但由于基因科学既包含遗传、变异、个体、群体，分子、细胞，基因、环境，核酸、蛋白质等诸多矛盾的统一，基因科学又与国计民生关系十分密切，丰衣足食、安居乐业、健康长寿、天下太平都离不开基因科学。

本书旨在帮助读者较全面地了解基因科学知识及基因科学在工业、农业、医学等诸多方面的应用价值。

书中编者特别重视科学性，在保证科学性的基础上，积极探索趣味性和可读性，将“基因宝库”编成公众喜欢阅读的图书。

<<基因计算>>

作者简介

钟扬，1964年5月生，1979年考入中国科学技术大学少年班，1984年毕业于该校无线电电子学系。1984至1999年在中国科学院武汉植物研究所工作。曾在美国加州大学柏克莱分校、密西根州立大学、日本文部科学省统计数理研究所工作。现为复旦大学生命科学院教授、常务副院长、植物学和

<<基因计算>>

书籍目录

引言 一、推销员该往哪里走？

二、电子计算机还能走多远？

第一章 基因与计算 一、超级存储器——我们自身 二、双螺旋的秘密 三、遗传编码的文法结构

四、基因组——生命的天书第二章 基因可以计算 一、DNA计算机的雏形 二、DNA计算机的功能

三、DNA计算机的应用 四、DNA计算机的未来第三章 向基因学习计算 一、进化计算 二、人

工免疫系统 三、人工神经网络第四章 让计算为基因服务 一、生物信息学的产生与发展 二、生物

信息资源与检索 三、用计算机发现新基因 四、用计算机预测蛋白质结构与功能 五、生物信息学

与疾病基因 六、系统生物学：走向新的综合 七、生物医学计算进展与挑战后记

<<基因计算>>

章节摘录

三、遗传编码的文法结构 关心科技新闻的读者也许还记得2003年国际上争辩得沸沸扬扬的一个热门话题：500万年后，地球上将不再有男人？

此论调一出，可谓天下大“乱”。

众所周知，人类有23对染色体，其中22对为常染色体，一对为性染色体。

男人和女人在分子水平上最基本的差别就体现在这对性染色体上，女性两个都是X染色体，而男性一个是X染色体、另一个则是Y染色体，因此Y染色体被看作是男性的象征。

尽管男性往往被认为应当具有阳刚之气，可是Y染色体却被公认为“十分脆弱”。

以往的研究中的确发现Y染色体因为基因变异而受到的损伤比其它染色体要大得多。

更糟糕的是，由于Y染色体的不断退化，它不幸沦为基因死亡的“坟墓”。

因此，有人通过计算，发现约500万年后，Y染色体上的基因便会全部走向消亡，到那时地球上也许就再也找不到一个真正的男人了！

然而，也有科学家认为虽然Y染色体比较脆弱，但似乎“命不该绝”。

此前科学家认为Y染色体不具有自我修复功能的一个重要原因是，大部分的染色体是成对存在的，而Y染色体只有一条。

美国麻省理工学院和华盛顿大学医学院的科学家联合完成了对人类Y染色体的基因测序工作，他们惊奇地发现Y染色体内存在着一种十分独特的“回文结构”，正是这种回文结构使得Y染色体可以在一定程度上自我修复有害的基因变异所造成的损伤。

总之，Y染色体的这种自我保护能力超出了人们的想象。

虽然我们现在还不能完全消除某一天地球会变成“女儿国”的担心，但至少Y染色体的消亡时间与原先的预计相比已大大推后了。

在以上的故事中，回文结构似乎成了力挽狂澜的英雄。

那么，究竟什么是回文结构呢？

为什么这种序列结构有这么大的本事呢？

回文结构，也可以称作反向重复序列，简单来说就是同一条DNA单链上，存在两段实质上相同，但序列颠倒并且二者碱基能形成互补的序列，这两段序列很容易就会根据碱基互补原则，互相吸引、配对，从而使得这条单链回折形成互补的双链结构。

咱们老祖宗在古代诗词歌赋上喜好玩一种文字游戏，正着读反过来读都一样，因而被称作回文。

如著名的晚唐诗人李商隐曾写过这样的词：落花闲院春衫薄，薄衫春院闲花落，迟日恨依依，依依恨B迟。

梦回莺舌弄，弄舌莺回梦。

邮便问入羞，羞人问便邮。

而现代的回文句子也很常见如：上海自来水来自海上。

分子中的回文序列与上述句子很相似，例如ACUGCCGCCAGUUCGCGUGGCGGCAUUUU；从空间结构上来讲，这样的回文序列由于在单链上进行两段序列的碱基互补配对，必然导致原本看似线性的核苷酸链上形成局部双螺旋而突出来一段，如果是DNA单链或是RNA链，则形成类似于“发夹”的结构；如果是DNA双链上的回文，则两条链上的同一地方都形成发夹结构，最后形成类似于十字架一样的结构。

回文结构不但在其序列和结构上有趣，而且在生物功能上也非常重要。

较短的回文结构由于其序列和结构的特殊性，可以成为一种识别信号，尤其是在DNA和蛋白质的相互作用中，这些结构就像茫茫大海中的指航明灯，指引着蛋白质到达正确的作用部位（如限制性核酸内切酶往往以这些位点为识别位点）；另一方面，较长的回文结构容易转变为发夹结构。

它们可能和转录的终止有关。

在RNA的结构中我们也能找到回文结构，每一个tRNA都是由几个发夹环组成一种独特的标志性的“三叶草形”结构。

值得一提的是，反向重复的回文结构还具有重组能力。

<<基因计算>>

人类Y染色体虽然不像其它染色体那样可以在互相之间通过重组交换遗传物质，但是它就是利用回文结构这一功能使得自己的一段序列和另一段之间进行重组，依靠这样的自我重组来实现一定程度的自我修复和重新获得进化动力。

回文结构的一个重要意义在于，它使DNA的所有生命活动有了调控的可能。

许许多多类似于回文结构的带有“特殊信号”的序列使得原本平淡无奇的一段DNA链无论是在序列上还是在结构上都产生了变化，增添了更多的信息含量。

回文结构已成为各种各样酶或因子识别、结合、作用于DNA的风向标，从此围绕着DNA展开的生命活动能够做到有的放矢，也就是我们所说的调控。

而这些随之而生的复杂调控最终联合起来，就有可能“织”成一张更加庞大也更加复杂的生命之网，其中蕴含了也许让我们每个人穷尽一生也无法参透的秘密。

<<基因计算>>

媒体关注与评论

基因科学与国计民生关系十分密切，丰衣足食、安居乐业、健康长寿、天下太平都离不开基因科学。

——谈家桢

<<基因计算>>

版权说明

本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问:<http://www.tushu007.com>