

现代 生命科学进展

(第二版)

张自立 彭永康 / 主编



科学出版社
www.sciencep.com

21 世纪高等院校教材——生物科学系列

现代生命科学进展

(第二版)

张自立 彭永康 主编

科学出版社

北 京

内 容 简 介

在科技迅猛发展的 21 世纪,生命科学代表着自然科学的前沿,正在成为发展最快、应用最广、潜力最大、竞争最激烈的领域之一,生物技术产业也成为发达国家的支柱产业之一。本书根据现代生命科学发展的特点,重点介绍了现代生命科学中的分子生物学、免疫生物学、神经生物学、发育生物学,以及环境生物学等方面研究的最新进展,突出反映了现代生命科学中一些理论、观念、学术思想的更新,帮助读者拓展视野,了解现代生命科学研究的前沿领域及趋势。

本书可供各师范院校生物教育专业的研究生,其他高等院校的生物学、生物技术等专业的本科生、研究生及从事生命科学相关研究的科研工作人员学习和参考。

图书在版编目(CIP)数据

现代生命科学进展/张自立,彭永康主编. —2 版. —北京:科学出版社, 2007

21 世纪高等院校教材·生物科学系列

ISBN 978-7-03-019587-6

I. 现… II. ①张…②彭… III. 生命科学-高等学校-教材 IV. Q1-0

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2007) 第 123690 号

责任编辑:周 辉/责任校对:赵桂芬

责任印制:张克忠/封面设计:耕者设计工作室

科学出版社 出版

北京东黄城根北街16号

邮政编码:100717

<http://www.sciencep.com>

源海印刷有限责任公司印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

*

2004 年 1 月第 一 版 开本: B5 (720×1000)

2007 年 8 月第 二 版 印张: 23 3/4

2007 年 8 月第三次印刷 字数: 443 000

印数: 7 001—10 000

定价: 33.00 元

(如有印装质量问题,我社负责调换(新欣))

第二版前言

现代生命科学是自然科学中发展最快的学科之一。作者编著《现代生命科学进展》的意图，在于帮助读者拓展视野，了解现代生命科学的前沿领域及其发展趋势。虽然本书第一版于2004年1月出版，迄今仅仅三年，但前沿学科进展迅速，有必要对本书及时增删修订，以期反映学科发展的新动向。

本书第一版中有关基因组学、蛋白质组学和生物信息学等新分支学科的阐述不够详尽，为此，第二版中基因组学独立成一章。蛋白质组学也适当扩充内容，尤其对蛋白质组学研究方法的原理作了较详尽的阐述。另外，补充了一章转录组学和代谢组学。生物信息学章节中增添了分子系统发育分析、用EST分析推导全长蛋白质编码序列等知识。近年来生物学家对表观遗传学的机制有较多研究，已突破了中心法则，为此在第1章和第12章中作了简要介绍。在发育分子生物学一章中补充了真核生物发育调控等内容。鉴于近年来多种传染性病毒对人类健康造成了严重威胁，科学家们非常重视病毒分子生物学的研究，本书第二版将第一版艾滋病毒的分子生物学这章改写成病毒的分子生物学，扩充了SARS冠状病毒、丙型肝炎病毒（HCV）和禽流感病毒（AIV）的分子生物学研究进展。

近年来分子生物学技术正以前所未有的速度不断创新，它不仅带来了分子生物学的新面貌，而且也给生物技术的新发展提供了多种多样的高新技术。应用微流技术（microfluidics）使DNA序列分析、DNA合成、PCR、电泳等反应时间大大缩短，增加了产品通量，产品成本骤降，开创了分子生物技术新篇章。这些内容在第二版中将作介绍。第二版增加了PCR技术的进展，介绍了9种PCR新技术。蛋白质转导既是新概念又是很有应用潜力的新技术，在第二版中也特别作简要说明，此外还添加了纳米技术在生命科学中的应用等。

本书第二版引用了有关生命科学进展的国内外文献资料和图表，在此对这些参考文献和资料的原作者致以衷心的感谢，同时敬请读者对本书第二版的缺点和错误给予批评指正。

张自立 彭永康

2007年2月

第一版前言

生物体是一个多层次、多侧面的复杂结构体系,研究其运动变化规律的科学叫生命科学。现代生命科学正从群体、个体、细胞、分子等不同层次和多个侧面如形态解剖、生理生化、遗传、发育、免疫、种群、进化等方面,采用不同方法和最新技术进行全面研究。当代生命科学的迅猛发展,已从根本上改变了它在自然科学中的地位和作用,正代表着 21 世纪自然科学的前沿,成为发展最快、应用最广、潜力最大、竞争最激烈的科学领域之一。

当代生物技术是世界上最令人瞩目的高新技术之一,生物技术产业将成为 21 世纪的主导型产业,是许多国家产业结构调整的战略重点。人们把世界上日益严重的人口、环境、食物、资源、健康等与人类生存和发展密切相关的诸多重大社会问题的解决,寄希望于生命科学与生物技术的进步。

现代生命科学涉及的前沿领域包括分子生物学、免疫生物学、发育生物学、神经生物学、环境生物学和近几年逐渐形成的基因组学、蛋白质组学和生物信息学等学科。为了使青年学生和科研工作者及时了解生命科学进展的情况,作者在近年教学的基础上收集与整理了近五六年的国内外有关资料和书籍,编著了《现代生命科学进展》一书,以期使读者在较短时间内对生命科学的前沿有基本了解,并从全新的视角认识生命科学,能对生命科学产生兴趣。

现代生命科学进展甚快,内容甚多,限于作者的学识水平,一定存在许多不妥和错误之处,衷心欢迎读者批评指正。

本书得到天津师范大学靳润成校长基金和天津市普通高等院校“十五”期间学科建设基金资助,陈宏副教授、王振英博士承担该书图表、文字的打印工作,谨此致谢。

张自立 彭永康

2003 年 6 月

目 录

第二版前言

第一版前言

第 1 章 中心法则的补充和发展	1
1.1 中心法则的要点及其面临的挑战	1
1.1.1 中心法则的提出	1
1.1.2 20 世纪 70 年代后的补充	1
1.1.3 20 世纪 90 年代面临的新挑战	2
1.1.4 全面认识 RNA 生物功能的多样性和重要性	2
1.1.5 表观效应可以遗传	3
1.2 以蛋白质为模板的肽链合成	5
1.2.1 合成短杆菌肽 S 的多酶体系	5
1.2.2 以多酶体系为模板合成 GS 的步骤	6
1.2.3 以非核糖体合成酶为模板合成 Surfactin 短肽的过程	7
1.3 朊病毒的繁殖与复制模型	9
1.3.1 朊病毒的性质	9
1.3.2 两种不同类型的 prp	10
1.3.3 prp ^c 的繁殖与复制	11
1.4 蛋白质的自剪接	14
1.4.1 蛋白质的内含子和外显子	14
1.4.2 蛋白质自剪接机制	15
1.5 新生肽的折叠	16
1.5.1 新生肽折叠研究中的新观点	16
1.5.2 帮助新生肽折叠的蛋白质——分子伴侣	17
1.5.3 分子内分子伴侣	19
思考题	20
主要参考文献	21
第 2 章 人类基因组计划与基因组工业的崛起	22
2.1 人类基因组计划的提出及其意义	22
2.1.1 基因和基因组	22
2.1.2 人类基因组计划的建立	22
2.2 人类基因组计划的内容	23
2.2.1 人类基因组计划的研究目标	23
2.2.2 人类基因组计划的技术路线	23

2.3 人类基因组计划的作图	24
2.3.1 遗传作图	24
2.3.2 物理作图	24
2.4 人类基因组计划的测序	25
2.4.1 测序策略	25
2.4.2 测序技术	26
2.5 人类基因组计划的信息处理	26
2.5.1 建立和发展数据库	26
2.5.2 建立和发展相应的软件	27
2.6 人类基因组计划研究进展	28
2.6.1 酿酒酵母基因组的 DNA 序列	28
2.6.2 大肠杆菌基因组的 DNA 序列	30
2.6.3 秀丽新小杆线虫基因组的 DNA 序列	34
2.6.4 果蝇基因组的 DNA 序列	36
2.6.5 人类 22 号染色体的 DNA 序列	39
2.6.6 人类 21 号染色体的 DNA 序列	42
2.6.7 人类 20 号染色体的 DNA 序列	47
2.6.8 水稻(籼稻)基因组的 DNA 序列	47
2.6.9 拟南芥基因组的 DNA 序列	47
2.7 我国人类基因组研究计划	47
2.8 人类基因组计划推动了基因组工业的崛起	48
2.9 人类基因组计划的实施带动了新学科的产生和发展	49
思考题	49
主要参考文献	50
第 3 章 基因组学	51
3.1 基因组学的提出及其任务	51
3.2 结构基因组学	51
3.2.1 基因组作图	52
3.2.2 序列分析	53
3.2.3 基因组分析	53
3.3 功能基因组学	55
3.3.1 功能基因组学的提出	55
3.3.2 功能基因组的研究方法	55
3.4 比较基因组学	56
3.4.1 比较基因组学的任务	56
3.4.2 比较基因组学的研究方法	58
3.5 药物基因组学	59
3.5.1 个体对药物不同反应的遗传背景研究	60

3.5.2 为药物设计和筛选提供依据	60
3.6 基因组研究推动了现代生物医药业的第三次浪潮	61
3.6.1 现代生物医药业概况	61
3.6.2 生物医药的三次浪潮	61
思考题	62
主要参考文献	62
第4章 蛋白质组学	64
4.1 蛋白质组学的产生	64
4.2 蛋白质组及蛋白质组学的概念	64
4.3 高通量 mRNA 表达分析技术	65
4.4 双向凝胶电泳	66
4.4.1 双向凝胶电泳 (2-DE) 原理	67
4.4.2 图像分析与数据库构建	68
4.5 生物质谱技术	69
4.5.1 种类及其原理	69
4.5.2 肽质量指纹谱鉴定技术 (PMF)	71
4.5.3 肽序列标签串联质谱技术 (PST)	72
4.5.4 翻译后修饰蛋白质的鉴定	72
4.6 蛋白质组数据库	72
4.7 蛋白质芯片技术	73
4.8 分析蛋白质-蛋白质相互作用的酵母双杂交系统	73
4.8.1 酵母双杂交系统的基本原理	73
4.8.2 酵母双杂交系统的改进	74
4.9 蛋白质组研究进展	75
4.9.1 病毒蛋白质组研究	75
4.9.2 细菌蛋白质组研究	76
4.9.3 酿酒酵母蛋白质组研究	76
4.9.4 多细胞生物蛋白质组研究	78
思考题	80
主要参考文献	80
第5章 迅速发展中的转录组学和代谢组学	82
5.1 转录组学	82
5.1.1 转录物的多样性	82
5.1.2 转录组及转录组学的含义	83
5.1.3 转录组学研究的方法	83
5.2 代谢组学	85
5.2.1 代谢组学的定义和研究任务	85
5.2.2 代谢组学的研究方法	86

5.2.3 代谢网络和数据库	87
思考题	88
主要参考文献	88
第6章 生物信息学	90
6.1 生物信息学及其产生的背景	90
6.2 发现编码蛋白的新基因	91
6.3 寻找蛋白质家族新成员及预测二级结构	93
6.4 用 EST 分析推导全长蛋白质编码序列	94
6.5 分子系统发育分析	95
6.5.1 距离法	96
6.5.2 最大简约法	96
6.5.3 最大似然法	96
6.5.4 分子系统树检验	97
6.5.5 分子系统发育分析软件	97
6.6 生物信息学的公用数据库	97
6.6.1 序列数据库	97
6.6.2 数据库的电子邮件检索	99
6.6.3 怎样向数据库发送核酸序列数据	100
6.7 生物信息学的分析工具	102
6.7.1 序列相似性查询软件	102
6.7.2 预测蛋白质结构的软件	103
6.8 生物信息学的应用	105
6.8.1 基因组分析和蛋白质组分析方面	105
6.8.2 生物芯片方面	105
6.8.3 药物开发方面	106
6.8.4 遗传流行病学方面	106
思考题	106
主要参考文献	107
第7章 分子生物学技术进展	108
7.1 PCR 技术的进展	108
7.1.1 PCR 技术是分子生物方法学上的一次革命	108
7.1.2 实时定量 PCR	109
7.1.3 快速扩增 cDNA 末端	111
7.1.4 芯片 PCR 技术	112
7.1.5 固相 PCR	113
7.1.6 电子 PCR	114
7.1.7 快循环 PCR	114
7.1.8 滚环 DNA 扩增	115

7.1.9	LAPCR (long and accurate PCR) 技术	116
7.1.10	乳胶 PCR	117
7.2	DNA 序列分析技术新进展	118
7.2.1	Pyrosequencing 技术	118
7.2.2	在微微升反应系统中对 <i>Mycoplasma genitalium</i> 基因组序列分析	119
7.2.3	一种快速非电泳 DNA 序列分析细菌基因组技术	121
7.2.4	一种检测人类全基因组 SNP 基因型的序列分析技术	122
7.3	结合微流 (Microfluidics) 技术开创分子生物技术新篇章	123
7.3.1	什么是 Microfluidics	123
7.3.2	微流技术用于分离和培养细胞	124
7.3.3	微流技术用于 PCR	126
7.3.4	微流技术用于凝胶电泳	126
7.3.5	微流技术用于 DNA 合成	127
7.3.6	微流技术和微阵列	128
7.3.7	微流技术与药物开发	128
7.4	DNA 芯片技术的原理及应用	129
7.4.1	什么是 DNA 芯片	129
7.4.2	DNA 芯片的两种形式	129
7.4.3	制备 Format I 芯片	129
7.4.4	制备 Format II 芯片	130
7.4.5	靶 DNA 与探针杂交及荧光标记检测	131
7.4.6	DNA 芯片技术的应用	132
7.5	蛋白质芯片技术原理及应用	133
7.5.1	什么是蛋白质芯片	133
7.5.2	蛋白质芯片的制备	134
7.5.3	靶蛋白与捕捉分子结合情况的检测	134
7.5.4	蛋白质芯片的应用	135
7.6	基因表达连续分析技术	136
7.7	DNA shuffling 技术	136
7.7.1	DNA shuffling 技术原理	138
7.7.2	DNA shuffling 操作步骤	138
7.7.3	DNA shuffling 效果	138
7.8	噬菌体表面呈现技术	139
7.8.1	噬菌体表面呈现技术原理及操作步骤	139
7.8.2	噬菌体表面呈现技术的应用	140
7.9	遗传分子标记技术研究进展	141
7.9.1	限制性片段长度多态性 (RFLP) 标记	141
7.9.2	随机扩增多态性 DNA 标记	145
7.9.3	AFLP 标记	146

7.9.4	微卫星多态性标记	147
7.9.5	单链构象多态性标记	149
7.9.6	单核苷酸多态性 (SNP) 标记	151
7.9.7	SCAR 标记	153
7.9.8	CAPs 标记	154
7.9.9	STS 和 EST	154
7.10	RNA 干扰技术的研发	155
7.10.1	什么是 RNA 干扰技术	155
7.10.2	RNA 干扰技术的机制	155
7.10.3	RNA 干扰技术的应用	157
7.10.4	miRNA	158
7.11	蛋白质转导技术	160
7.11.1	蛋白质转导	160
7.11.2	蛋白质转导结构域	161
7.11.3	蛋白质转导的应用潜力	162
7.12	纳米技术在生命科学中的应用	162
7.12.1	生物制药中的应用	162
7.12.2	生物组织工程中的应用	163
7.12.3	开发新型荧光生物标记	163
	思考题	164
	主要参考文献	164
第 8 章	基因工程研究进展	167
8.1	转基因植物	167
8.1.1	转基因植物的目的基因	168
8.1.2	分离、鉴定和修饰目的基因	170
8.1.3	转化方法	172
8.1.4	转化细胞的筛选及转基因植物的鉴定	174
8.1.5	提高外源基因表达的研究	176
8.1.6	植物反应器制药	178
8.1.7	转基因植物的安全性	178
8.2	转基因动物	179
8.2.1	转基因动物的技术原理及发展	179
8.2.2	转基因动物乳腺反应器制药业的兴起	182
8.3	克隆动物及其意义	184
8.3.1	克隆动物研究简史	185
8.3.2	克隆动物的技术	186
8.3.3	体细胞核移植进展	187
8.4	基因治疗	188

8.4.1	基因转移技术	189
8.4.2	基因转移的受体细胞	191
8.4.3	外源基因的靶向表达	191
8.4.4	肿瘤基因治疗的策略	192
8.4.5	基因治疗研究进展	193
8.5	生物制药产业的发展	195
	思考题	196
	主要参考文献	196
第9章	免疫分子生物学	198
9.1	免疫的概念和基础知识	198
9.1.1	免疫的现代概念及功能	198
9.1.2	免疫反应的特征	198
9.1.3	免疫器官和淋巴组织	200
9.1.4	免疫细胞	201
9.1.5	克隆选择假说	202
9.2	免疫的分子生物学	204
9.2.1	免疫球蛋白的分子结构	205
9.2.2	免疫球蛋白的基因结构	206
9.2.3	免疫球蛋白基因重排与 DNA 的多样性	208
9.2.4	免疫球蛋白基因表达	212
9.2.5	T 细胞抗原受体 (TCR) 基因表达	214
9.2.6	主要组织相容性复合体	216
9.2.7	MHC 的细胞特异性表达及发育调控	217
9.3	杂交瘤单克隆抗体技术	221
9.3.1	杂交瘤单克隆抗体技术的理论基础	221
9.3.2	杂交瘤单克隆抗体技术	223
9.3.3	单克隆抗体的应用	224
9.4	基因工程抗体与抗体库技术	224
9.4.1	反转录 PCR (RT-PCR) 克隆 Ig 可变区基因	225
9.4.2	鼠-人嵌合体的构建	226
9.4.3	单链抗体	226
9.4.4	噬菌体抗体库技术	227
	思考题	229
	主要参考文献	229
第10章	发育分子生物学	230
10.1	生物的个体发育	230
10.1.1	发育的概念	230
10.1.2	生殖细胞和受精	230

10.1.3	早期胚胎发生	230
10.1.4	发育中基因活动的理论	232
10.1.5	同源转换区基因与同源域蛋白	232
10.2	细胞周期的调控	236
10.2.1	细胞周期及其调控体系	236
10.2.2	周期蛋白	237
10.2.3	周期蛋白依赖性蛋白激酶 (Cdk)	237
10.3	细胞程序性死亡	238
10.3.1	细胞凋亡与细胞坏死	238
10.3.2	细胞凋亡的生物学意义	239
10.3.3	细胞凋亡的机制	240
10.3.4	细胞凋亡与疾病	242
10.4	细胞的信号传导	244
10.4.1	酪氨酸激酶途径	246
10.4.2	G 蛋白耦联的信号传递途径	249
10.5	干细胞研究进展	251
10.5.1	什么是人的胚胎干细胞	251
10.5.2	人胚胎干细胞研究进展	252
10.5.3	成体干细胞概念的变化	252
10.5.4	成体干细胞的鉴别与分离纯化	253
10.5.5	成体干细胞向多种功能细胞的诱导分化	254
10.5.6	成体干细胞的应用前景	255
10.6	个体发育的调控	256
10.6.1	果蝇的发育依赖于大量转录调节因子的级联反应	256
10.6.2	在早期胚胎发育中母体效应基因的产物形成轴性梯度	257
10.6.3	背-腹轴发育利用特定的受体-配体相互作用	258
10.6.4	决定体节发育的基因调节	259
10.6.5	果蝇同源转换区基因复合座与发育调控	260
	思考题	261
	主要参考文献	261
第 11 章	神经生物学	262
11.1	细胞神经生物学	262
11.1.1	神经元的功能结构	262
11.1.2	神经纤维兴奋的产生及其传导的机制	263
11.1.3	突触的结构、类型以及突触传递机制	264
11.1.4	神经胶质细胞	266
11.2	分子神经生物学	268
11.2.1	神经递质、调质、神经内分泌	268

11.2.2	神经生长因子及营养因子	269
11.2.3	神经活动过程中 <i>c-fos/c-jun</i> 基因表达的研究	270
11.2.4	离子通道	273
11.3	泛脑网络学说	276
11.3.1	泛脑层次与泛脑关系	276
11.3.2	泛脑网络学说的意义	279
	思考题	280
	主要参考文献	280
第 12 章	癌基因的分子生物学	282
12.1	细胞转化	282
12.2	癌基因	282
12.2.1	原癌基因的发现	282
12.2.2	反转录病毒癌基因的起源	283
12.2.3	原癌基因编码的蛋白质种类	284
12.2.4	原癌基因与蛋白激酶的关系	285
12.2.5	原癌基因与信号转导系统的关系	285
12.2.6	原癌基因和生长因子的关系	286
12.2.7	原癌基因和转录因子的关系	286
12.3	抑癌基因	287
12.3.1	p53	287
12.3.2	p21	289
12.3.3	p19 ^{ARF} 、p16 ^{INK4a} 、pRb	290
12.4	癌变理论	290
12.4.1	增强子插入模型	290
12.4.2	转座子模型	291
12.4.3	基因突变说	292
12.4.4	癌基因的两阶段作用学说	292
12.4.5	癌基因的表现遗传学	293
12.5	肿瘤抗原	294
12.6	肿瘤治疗	297
	思考题	297
	主要参考文献	297
第 13 章	病毒的分子生物学	299
13.1	艾滋病毒的分子生物学	299
13.1.1	艾滋病毒的致病性	299
13.1.2	HIV 病毒的结构	302
13.1.3	HIV 的生活周期	305
13.1.4	HIV- I 基因的表达调控	310

13.1.5 HIV 预防与治疗	315
13.2 SARS 冠状病毒的研究	317
13.2.1 冠状病毒的形态结构	318
13.2.2 冠状病毒 RNA 基因组	318
13.2.3 SARS 病毒蛋白质组	320
13.2.4 SARS 病毒的检测	321
13.2.5 SARS 病的疫苗和治疗药物	322
13.3 丙型肝炎病毒 (HCV) 的研究	322
13.3.1 HCV 基因组的结构与功能	322
13.3.2 HCV 的致病性、检测和治疗	324
13.4 禽流感病毒的研究	325
13.4.1 AIV 的形态与结构	326
13.4.2 AIV 的致病机理	327
13.4.3 AIV 的诊断与防治	328
思考题	328
主要参考文献	329
第 14 章 环境生物学	330
14.1 环境生物学概述	330
14.1.1 环境生物学的定义	330
14.1.2 环境生物学的研究内容	330
14.1.3 环境生物学的形成与发展	330
14.2 环境污染物在生态系统中的行为	331
14.2.1 环境污染源和污染物	331
14.2.2 污染物在环境中的迁移、转化和生物放大	332
14.2.3 污染物的群落与生态系统效应	333
14.3 环境监测与评价的生物学方法	335
14.3.1 生物监测	335
14.3.2 危害性与风险评价	337
14.4 环境污染的生物净化与降解	338
14.4.1 水污染的生物防治	338
14.4.2 大气污染的生物防治	342
14.4.3 土壤污染的生物治理	342
14.4.4 固体废弃物的生物处理	343
14.4.5 基因工程在环境污染生物处理中的应用	343
14.5 生物资源的保护	344
14.5.1 自然资源过度开发	344
14.5.2 生物多样性保护	347
思考题	348

主要参考文献	348
第 15 章 生物进化研究	349
15.1 向进化论挑战的寒武纪生物大暴发	349
15.1.1 困扰达尔文的寒武纪生物群大暴发之谜	349
15.1.2 我国澄江生物群寒武纪大暴发的确证	350
15.1.3 寒武纪大暴发成因的推测	352
15.1.4 进化论在化石记录中面对的主要难题	353
15.2 黑格尔“重演论”虚伪性的被揭露	354
15.2.1 黑格尔“重演论”的依据	354
15.2.2 黑格尔“重演论”依据的虚伪性	355
15.3 关于生命起源的探索	356
15.3.1 “先有蛋白质”之说	357
15.3.2 “先有核酸”之说	358
思考题	359
主要参考文献	359
第二版后记	361
第一版后记	362

第 1 章 中心法则的补充和发展

1.1 中心法则的要点及其面临的挑战

1.1.1 中心法则的提出

1958 年 Crick 首次对核酸和蛋白质的相互关系提出了中心法则 (central dogma), 即 DNA 上的遗传信息可以通过复制传递给下一代的 DNA 分子, 也可以通过转录传递到 RNA, 最后经翻译又从 RNA 传递至蛋白质分子。即 DNA→RNA→蛋白质。

此法则奠定了分子生物学的理论基础, 其要点有三: 第一, 遗传信息指 DNA、RNA 的核苷酸序列和蛋白质中的氨基酸序列; 第二, 从 DNA、RNA 到蛋白质的遗传信息流向是严格的单程路线; 第三, DNA 序列与其所转录出的 RNA 序列及翻译出的蛋白质中的氨基酸序列有严格的共线性 (collinearity)。

1.1.2 20 世纪 70 年代后的补充

Temin (1970) 发现了反转录酶并证明了反转录的机制, 如肉瘤病毒的复制是先以病毒 RNA 为模板通过反转录酶合成 DNA, 再以该 DNA 为模板合成 RNA, 即遗传信息在某些情况下也可以从 RNA 传递到 DNA。Spiegelman 等证明反转录酶在单链 RNA 模板上合成 DNA 时, 作用机制与 DNA 聚合酶类似, 该酶也需要引物, tRNA 可作为 Rous RNA 病毒反转录的引物。新合成的 DNA 链与 RNA 模板结合形成 DNA/RNA 双链, 然后以新合成的 DNA 为模板产生环状的双链 DNA。这些发现是对中心法则中遗传信息流向单程路线的第一次冲击。

20 世纪 70 年代中期几种 RNA 病毒如 MS₂、R₁₇、Q β 等的复制过程被发现, 这些病毒仅编码 3 个基因: A 蛋白、外壳蛋白和复制酶。在复制时复制酶先结合到 RNA 基因组的 3' 端上, 开始沿 5'→3' 方向合成一个互补负链。负链 RNA 并不与正链氢键结合, 但可再作为模板, 合成新的正链 RNA。这意味着 RNA 的遗传信息也可以通过复制传递给子代。

Jeffreys 和 Flavell (1977) 发现 β -珠蛋白基因内有内含子。Doel 等 (1977) 也证实卵清蛋白基因中也存在内含子。为此, 这些基因中 DNA 的碱基序列与氨基酸序列不存在严格的共线性。

20 世纪 70 年代后, 分子生物学家们对 Crick 的中心法则做了如下的补