

聚焦六大前沿领域 ★ 感受科技无穷魅力

前沿科技的 148个焦点

•下册•

广州市科学技术协会 编



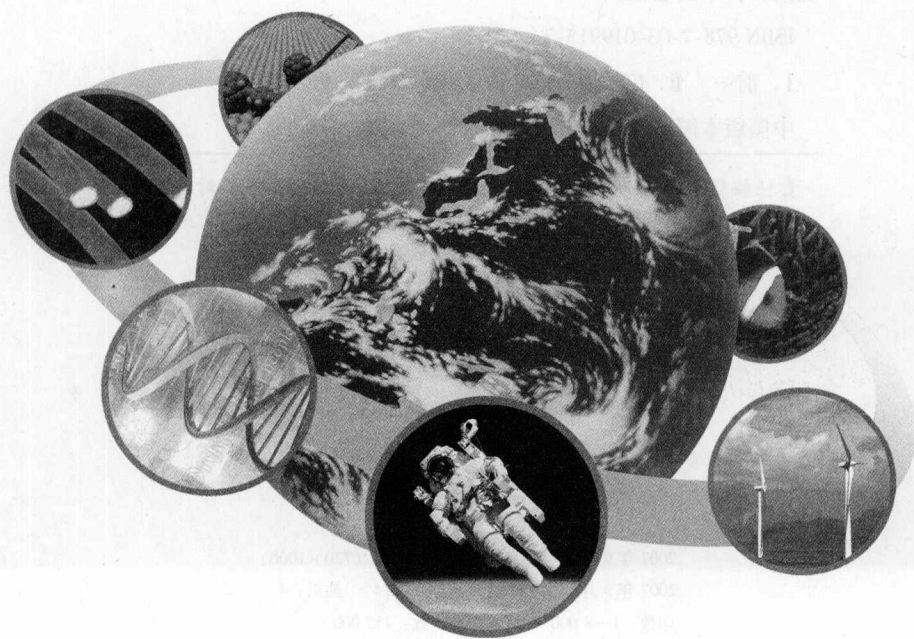
 科学出版社
www.sciencep.com

聚焦六大前沿领域 ★ 感受科技无穷魅力

前沿科技的 148个焦点

•下册•

广州市科学技术协会 编



科学出版社
北京

图书在版编目 (CIP) 数据

前沿科技的 148 个焦点/广州市科学技术协会编.
北京: 科学出版社, 2007

ISBN 978-7-03-019915-7

I. 前… II. 广 III. 科学技术 - 青少年读物 IV. N49

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2007) 第 137471 号

责任编辑: 胡升华 侯俊琳 王 建 宋 旭 / 责任校对: 桂伟利
责任印制: 钱玉芬 / 封面设计: 无极书装

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>

双青印刷厂 印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

*

2007 年 9 月第 一 版 开本: B5 (720 × 1000)

2007 年 9 月第一次印刷 印张: 24 插页: 4

印数: 1—8 000 字数: 455 000

定价: 42.00 元 (上、下册)

(如有印装质量问题, 我社负责调换〈双青〉)

目 录

·下册·

第四篇 基因与生命

一 基因是什么	213
◆ 基因概念的提出及其基本含义	213
◆ 基因的结构	217
◆ DNA 的结构和组成	218
◆ 遗传密码的破解与基因的功能	220
二 基因工程	224
◆ 基因工程	224
◆ 神奇的基因体外复制——PCR	225
◆ 基因芯片	228
◆ 转基因技术	230
◆ 克隆技术	233
三 人类基因组计划	236
◆ 生命的全部奥秘——DNA	236
◆ 人类基因组计划的由来与发展	237
◆ 人类基因组计划的主要研究内容	239
◆ 首先解读完毕的第 22 号染色体	241
◆ “国际人类基因组计划”完成人类基因组图谱	242
◆ 后基因计划	244
◆ 水稻基因组计划	245
四 基因技术的应用	248
◆ 基因制药	248



◆ 基因检查	249
◆ 基因疗法	250
◆ 基因鉴定技术	252
◆ 长生不老不是梦	254
◆ 基因武器	255

第五篇 光信息材料

一 硅光电材料	259
◆ 女娲补天——硅的古老使命	259
◆ 硅的性质、种类以及分布	260
◆ 硅的发展史	262
◆ 有机硅的常规用途	264
◆ 硅光电池种类及发展趋势	268
◆ 硅的神奇作用	276
◆ 硅的发展趋势	281
二 神奇的光纤	283
◆ 光纤与光通信	283
◆ 光纤的基本概念	285
◆ 光纤的分类	291
◆ 光纤制造	293
◆ 光纤通信的优点	295
◆ 光纤的多种用途	297

第六篇 纳米科技

一 迎接纳米科技新世纪	301
◆ 纳米不是“米”	301
◆ 纳米科学	303
◆ 纳米科学技术	303
◆ 一门九子个个神通	308
◆ 纳米技术	314

◆ 纳米科学技术的发展历史	319
二 纳米科技的神奇魔力	324
◆ 百变神行的纳米材料	324
◆ 为 IT 业插上两翅	330
◆ 医术药物新时代	332
◆ 搭起登天的云梯	334
◆ 衣食住行离不开	335
◆ 克敌致胜的秘密武器	337
◆ 石化领域显神通	338
◆ 薄如蝉翼细如尘	340
◆ 保护环境保护人类	341
三 纳米科学技术的发展前景	344
◆ 纳米科学技术的发展战略	344
◆ 中国纳米科学技术发展规划	345
◆ 美国纳米科学技术发展	347
◆ 日本纳米科学技术发展	349
◆ 韩国纳米科学技术发展	351
◆ 欧盟纳米科学技术发展	351
四 中国与纳米共舞	354
◆ 绽放异彩的基础研究	354
◆ 产业化迈进门槛	359
◆ 世纪之光照耀中国	362
后记	364

第四篇

基因与生命

一 基因是什么

◆ 基因概念的提出及其基本含义

100 多年前, 3 位科学家: 荷兰的德弗里斯、德国的柯伦斯和奥地利的丘歇马克几乎同时宣称“发现”了遗传学上的分离定律和自由组合定律(也称为独立分配定律)。而奥地利神甫孟德尔(参见图 4-1-1)早在 1865 年就已发表了这样的科学论文, 他依据历时 8 年的豌豆杂交试验的结果提出了上述两条遗传定律, 也就是著名的“孟德尔遗传定律”。孟德尔第一次提出了“遗传因子”的概念, 在 19 世纪的遗传学史上理应占有一席之地, 可惜长期未能得到人们的重视, 直到 30 多年后, 几位科学家再次证实了孟德尔的研究结果, 人们才意识到孟德尔定律的伟大意义, 从而掀开了遗传学上崭新的一页。

1909 年后, 丹麦生物学家约翰逊在《科学遗传学要义》中首次提出了“基因”概念。当时, 他用“基因”一词来表示现代遗传学中存在配子里的“单位因子”、“元素”或“相对因子”, 具有以下含义: ①基因是独立的结构单位, 同源染色体之间的基因可以发生交换; ②基因是遗传的功能单位, 能产生特异的表型效应; ③基因又是突变单位, 能产生变异。这样, 就形成了结构、功能和变异“三位一体”的基因概念。这一概念首次明晰了基因的基本内涵, 对现代遗传学的发展有着非常重要的指导意义。

1926 年, 美国遗传学家摩尔根(参见图 4-1-2 和图 4-1-3)发表《基因论》。这是一部划时代的

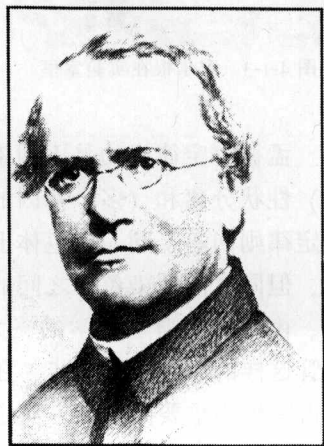


图 4-1-1 提出遗传因子理论的奥地利生物学家孟德尔



图 4-1-2 1928年，摩尔根证实了染色体是遗传基因的载体，从而获得了生理医学诺贝尔奖

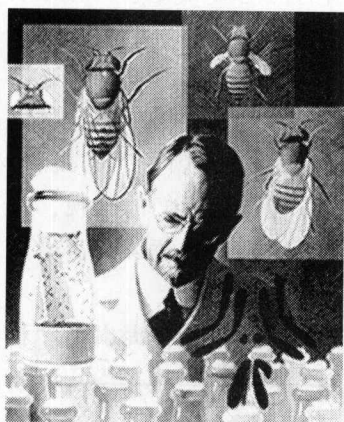


图 4-1-3 摩尔根在实验室里

遗传学著作，他凭此书的成就获得了诺贝尔奖。书中介绍了著名的果蝇实验，根据实验结果，摩尔根提出了第三条遗传学定律——连锁互换定律，进而确定了生物遗传的物质基础是染色体，且每条染色体上有多个基因，例如，果蝇虽然仅有 4 条染色体，却包含有数百个基因。他认为基因在染色体上是线性排列的，有一定的间距和顺序。这样，摩尔根更加明确了基因的含义，统一了基因的概念。不仅如此，他还指出，染色体上的基因总是有一定范围的交换，即连锁遗传常常是不完全的，会发生基因重组，这是生物界普遍存在变异现象的遗传学原因。

孟德尔定律讲的是不同染色体上基因的遗传行为，它们遵循（杂合体单基因的）性状分离和（多个基因的）自由组合规律。而摩尔根研究小组发现的连锁遗传定律则回答了同一染色体上基因的遗传行为，它们是连锁在一起传递给下一代的，但同时同源染色体之间的基因（依据其间隔距离的远近）又有程度不同的互换。由此，经典遗传学的三大定律就解释了从基因到性状的遗传和变异的原因。尽管这样的解释还很初步，还有许多问题和细节待阐明，它们仍在遗传学发展史上占有极为重要的地位，奠定了现代遗传学的基石。

至此，基因的基本概念已较为明晰。随着科学家对基因的不断探索，研究的不断深入和范围的逐步拓展，基因的内涵不断得到补充、更新与完善。

艾弗里等(1945年)和赫尔希等(1952年)通过实验证实了DNA是遗传物质,将基因确定为DNA分子的片段(参见图4-1-4)。紧接着,1953年,沃森和克里克发现DNA的双螺旋结构,这是一个划时代的伟大发现,他们两人因此获得了诺贝尔奖。这些研究成果使人们对基因的物质基础(化学本质)、分子结构的认识越来越深入,并由此开创了遗传学的新纪元,成为一门新学科——分子生物学兴起的标志,为深入研究基因的结构与功能奠定了理论基础。随着研究的深入,基因的概念也得到不断的更新和完善。

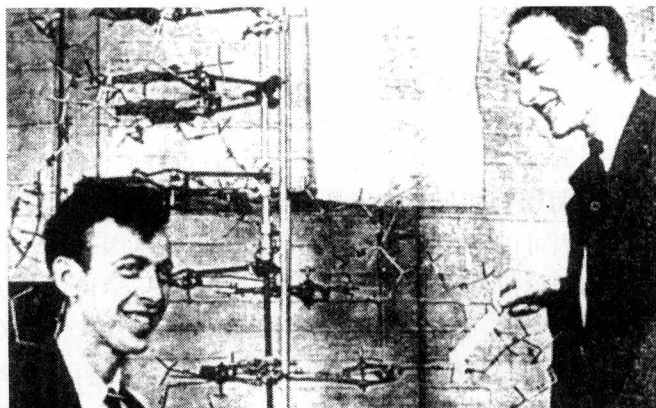


图4-1-4 沃森、克里克和DNA模型

首先,传统的基因概念认为基因是不能再分的、“三位一体”(结构、功能、突变)的最小单位。20世纪50年代,对大肠杆菌噬菌体基因精细结构的研究发现,基因的内部可以发生若干不同位点的突变。如果在基因内部同时发生了两个以上位点的突变,其顺式和反式的表现型是不一样的:顺式是野生型,反式却是突变型。此外,基因内部不同位点之间还可以发生交换与重组。这样,每一个基因可以包含许多突变单位和重组单位,这种单位可以小到仅仅包含一个核苷酸。在此研究的基础上,提出了基因就是一个“顺反子”的新认识。这一概念突破了基因的传统内涵。

其次,传统的基因观点认为,基因在染色体上的位点是固定的。但美国遗传学家麦克林托克早在1950年就已经在玉米的遗传学研究发现有些基因的位点并不固定:在生物的生长发育过程中,某些基因可通过改变其位点而形成活跃的转录单位,有的基因甚至可以在不同的基因之间“跳来跳去”。麦克林托克称之为“跳跃基因”。比如,一种命名为Ds的基因能插入别的基因中而使该基因失活,当Ds基因转移走后,该基因可恢复正常的功能作用。麦克林托克的这一发



现被誉为基因认识史上的一个重要突破，并因此获得了诺贝尔奖。它打破了遗传学上的 DNA 恒定论，对于认识生物演化中信息量的扩大等研究工作，提供了新的启示和线索。20 世纪 60 年代，生物化学家又在细菌中发现了一类称为插入顺序的可以移动位置的遗传因子。这种插入序列本身没有表型效应，可是在插入别的基因中时就能引起该基因的突变。进入 70 年代，科学家又发现细菌质粒的抗药性基因可以移动位置，当时人们把它称为“转座子”。后来又陆续发现了其他一些转座子。这些发现开阔了人们的眼界，启迪了人们的科学思维，极大地丰富了人们对基因的认识。

20 世纪 60 年代，对大肠杆菌半乳糖代谢的调节机制的研究发现，并不是所有基因都编码蛋白质多肽链。雅各布和莫诺将基因分为结构基因和调控基因，以区分不同编码的基因。后者包含调节基因、操纵基因和启动基因三种。那些编码蛋白质和酶的基因就是结构基因，而调节基因通过制约（一种在正常情况下抑制结构基因活性的）阻遏物的形成来调整结构基因的活性，启动基因则与 RNA 聚合酶结合，操纵基因可以调控许多基因的活性。操纵基因与受其控制的一系列结构基因组成一个功能单位，称为操纵子。这一“操纵子学说”很快得到了实验证实。上述调控基因的发现，大大扩宽了人们对基因功能及其相互关系的认识。

后来，在 70 年代又发现了重叠基因和断裂基因。英国科学家桑格（1977 年）发现，在一个病毒的单链 DNA 分子上的一些基因是相互重叠的，这些相互重叠的基因共同拥有某几个相同的核苷酸序列。即一个基因的某一段核苷酸序列可能同时又是另一个（或几个）基因的核苷酸序列。尽管如此，由于这些基因的读码起点和方式的不同，翻译出的氨基酸顺序不会雷同，因而它们事实上编码着完全不同的蛋白质多肽链。这种重叠基因使得病毒等原核细胞生物的 DNA 分子能以较少的碱基编码较多的遗传信息，可以说是一种比较紧凑、经济、高效的 DNA 分子编码形式。比如，一个仅由 5375 个核苷酸组成环状病毒 DNA 分子就能编码 9 种蛋白质，这在高等真核生物细胞中是不可想像的。

断裂基因普遍存在于生物细胞中。科学家最先在猿猴病毒及腺病毒中发现，某些基因在转录过程中首先形成一个包含所有碱基序列在内的较大的 RNA 前体，在切除一些序列片段后，将余下的序列片段拼接成一个成熟的 RNA 分子。即这种基因的内部存在着一个或几个不能转录成成熟 RNA 的间隔区段序列，它们将一个完整的基因分隔成几个片段，因此称之为断裂基因。断裂基因中的间隔序列一般称为内含子，而能转录成成熟 RNA 的区段称为外显子。有的前体 RNA 的内含子部分有催化自我剪接的功能，甚至还能催化其他生化反应的进行。显然，在这样的断裂基因内，如果外显子的排列组合不同，就可能翻译出不同的基因产物，这对生物来说具有十分重要的意义。它既是生物进化的产物，同时又是继续

进化的基础。

随着研究的深入，又出现了基因是一个嵌合体（转录单位）的新概念。基因作为嵌合体（转录单位）由两个区段——基因内区和基因外区交替组成。前者在遗传信息转录加工至成熟 RNA 过程中会被剪辑掉，后者是能最终表达的区段，镶嵌在前者（基因内区）的骨架中。在一个嵌合体（转录单位）中，常常会因为个别碱基的突变而在拼接处“出错”，进而使遗传信息的表达发生变化，也可能因为某一基因内区转变成基因外区而使遗传信息的内容改变或增多。因此，同一个嵌合体（转录单位）就可以编码多个肽链，而这些肽链的功能既可能是相关联的，也可能是毫不相干的。显然，嵌合体（转录单位）与重叠基因一样，也是生物进化过程中的一种充分利用 DNA 所包含的遗传信息的方式。嵌合体（转录单位）是对基因内涵的进一步充实和拓展。

可见，基因的概念从出现伊始就处于不停的变化、补充、更新之中，许多科学家在基因概念的发展、完善过程中奉献了他们的聪明才智，为揭开基因的奥秘进而造福人类做出了卓越的贡献。

◆ 基因的结构

基因的结构是一个比较复杂的问题，简而言之，基因是具有遗传效应的 DNA 的片段。DNA 是脱氧核糖核酸的简称，科学家已经证明，DNA 是由（脱氧）核糖（戊糖，即五碳糖）、磷酸和碱基组成的长链分子。我们知道，组成 DNA 的碱基有 4 种，即 DNA 是由 4 种核苷酸按不同方式排列形成的大分子物质。

为方便理解，我们不妨将一个物种的基因组（染色体组）比作一本书。众所周知，一本书可以分为若干章节，每一章节又细分为若干段落，每一段落由许多（或寥寥几个）句子构成。我们知道，每个句子或长或短，都是由词语串联而成的，有一定的结构特征（如主、谓、宾、补等，对于不完整的句子可能只有其中的某一个或几个成分），有起始、终止的标志。就拼音文字（如英语等）而言，每一个词语都是由若干个字母（字符串）构成的，多少不一。那么，记载着物种的遗传信息——基因组这本“天书”也可首先分解为多条染色体，每条染色体上有多个基因。每一个基因大小、长短不一，包含了或多或少的氨基酸的密码子。与常见书本中的句子不同的是，这些密码子均由 3 个碱基组成，且整本书仅仅由 A、T、G、C 四种碱基组成，而且其标点、句子也是由这四种碱基来表示的。

以上所述，可以归纳为以下的图示：

全书	章节	句子	单词、标点 (字母顺序)	字母 (26 个)
基因组 (染色体组)	染色体	基因	密码子等 (碱基序列)	碱基 (4 个)

这样一个比方只是为了更清楚地了解基因的定位及其与 DNA 的关系。其实，科学家们为了揭示基因的本质和 DNA 的奥秘，首先是从阐明 DNA 的分子结构入手的。众所周知，DNA 分子的双螺旋结构的发现标志着分子生物学的兴起。在接下来的 20 年里，遗传学得到了迅猛发展：破解了遗传密码、弄清了 DNA 的复制、转录（合成 RNA）、翻译（合成蛋白质）的机制。这样，从基因到性状，遗传信息的储存与复制、流动与表达逐一被认识，直接引发了基因工程的飞跃发展。在揭示基因的结构特点和功能作用的历程中，一批批科学家密切合作，提出了不少奇思妙想，设计了诸多巧妙的实验，大大地加速了对基因奥秘的认识过程，取得了一个个杰出的成绩。

◆ DNA 的结构和组成

从 20 世纪 30 年代始，科学家就已经着手分析核酸的化学组成，认识到 DNA 是由核苷酸组成的。核苷酸由碱基、五碳糖和磷酸组成。其中，碱基共有 4 种：两种嘌呤碱基 A（腺嘌呤）、G（鸟嘌呤），两种嘧啶碱基 T（胸腺嘧啶）、C（胞嘧啶），它们分别连接着一个五碳糖，五碳糖的另一端与磷酸相连，形成 4 种核苷酸。DNA 长链就由这 4 种核苷酸组成，它以一个核苷酸的五碳糖的 5'-羟基通过磷脂键和相邻核苷酸的 3'-羟基连接而形成的长链作为骨架。后来，又利用 X 射线衍射法研究了 DNA 的结构，发现 DNA 是由许多亚单位的堆积层组成的，这些亚单位排列成有规律的螺旋几何形式，并测得两个亚单位之间的距离是 3~4 埃。基于这些研究结果，美国生物学家沃森和英国物理学家克里克通过精诚合作和不断地钻研探索，终于在 1953 年揭开了 DNA 的结构之谜，提出了著名的 DNA 双螺旋结构模型，并因此双双获得了诺贝尔奖（参见图 4-1-5）。

十分值得一提的是沃森和克里克良好的科研合作精神和独到的科学思维方式，在遗传学发展史乃至科学史上都是一段佳话，更是不同学科之间成功合作的一个典范。他们伟大的合作开创了一个全新的研究领域，极大地推动了遗传学的发展。

沃森在 1951 年春天到英国剑桥著名的卡文迪什实验室进行科学研究，在那里结识了英国物理学家克里克。沃森发现克里克对 X 射线结晶学很熟悉，同时对

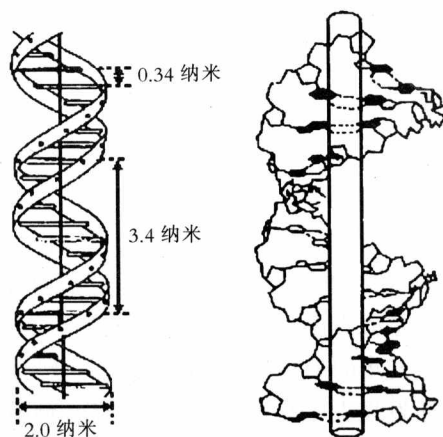


图 4-1-5 沃森、克里克确立的DNA分子结构模型图

基因结构及其功能很感兴趣。他不迷信权威，有善于思考的良好习惯。克里克则发现这位美国生物学家对遗传学很有研究，具有很深的造诣，正致力于了解基因在分子水平上起作用的奥秘。这两个年轻的科学家基于共同兴趣和相互仰慕，携起手来，共同探索 DNA 的分子结构。他们依据有关的 X 射线衍射资料和 DNA 的自我复制特点，试着设计 DNA 分子模型。从 DNA 分子中嘌呤碱与嘧啶碱之间存在 1:1 的比例关系来看，碱基之间可能存在着互补配对，这种配对可以很好地解释 DNA 的自我复制。沃森从威尔金斯获得的 DNA 的 X 射线衍射密度图像得到启发，着手建立 DNA 的双链分子模型。但不幸的是他们一直使用着错误的分子式，因而，他们提出的几种模型均以失败告终。在“山穷水尽疑无路”之时，美国化学家多诺休纠正了分子式的错误，使得沃森和克里克的努力“柳暗花明又一村”。他们立即重新设计 DNA 的分子结构模型，把碱基放在一起并以氢键连接，两个氢键连接的腺嘌呤 (A) 和胸腺嘧啶 (T) 配对，3 个氢键连接的鸟嘌呤 (G) 和胞嘧啶 (C) 配对，其外围是五碳糖和磷酸相间排列形成的双链 DNA 螺旋骨架长链。这样的 DNA 双股螺旋结构模型很好地印证了此前的研究结果，阐明了 DNA 分子的空间结构。1953 年 4 月，《自然》杂志发表了他们的研究成果。这篇题为《核酸的分子结构》的短文，虽寥寥数百字，却字字千钧，震撼了整个生物学界，甚至整个科学界。它大大地开阔了生物学各分支学科的研究视野，并丰富了其研究手段，使传统的生物学研究深入到分子水平，成为分子生物学的发端，生物学从此掀开了新的一页。

DNA 双股螺旋结构模型除了说明遗传物质的主要结构特征外，还表明 DNA 分子可以进行自我复制。当复制时，DNA 的两条链彼此分开，每条链以自身为模板，以生物体内游离的脱氧核苷酸为原料，在一系列酶的作用下，按照碱基互补配

对原则合成相应的互补链。这样，生成的两条 DNA 分子就和原先的两条 DNA 链完全一样，在新形成的 DNA 双螺旋结构中，始终有一半（条）DNA 是原先就有的，另一条则是新合成的。这样的复制方式，称为半保留复制。沃森和克里克在关于 DNA 双螺旋结构模型的论文发表后一个月，又提出了 DNA 半保留复制的假说。此后不久，同位素示踪法实验研究大肠杆菌的 DNA 复制（1958 年和 1959 年），证实了 DNA 的复制的确是以半保留方式复制的。后来，通过电子显微镜观察 DNA 的空间结构，进一步证明了沃森和克里克的 DNA 双螺旋结构模型的正确性。

那么，DNA 分子是不是只有上述的双螺旋结构呢？其实，DNA 的双螺旋构象具有多态性，即溶液中天然的 DNA 为 B-型 DNA，但当水合 DNA 脱水后就转变为 A-型 DNA。后来，还发现人工合成的 DNA 具有 Z-型螺旋结构，它不同于天然 DNA 右手双螺旋，而是左手螺旋的，并且磷酸基团在多核苷酸骨架上呈 Z-字型分布。此外，当年威尔金斯根据 X 射线衍射图片曾设想过 DNA 可能有三链结构，沃森和克里克也探讨过三链 DNA 的模型，但最终也因其稳定性问题无法解决而放弃了努力。20 世纪 80 年代，科学家研究发现三链 DNA 能将 DNA 内切酶等带到 DNA 的特定位置点上，它具有很严格的选择性。三链 DNA 的数量变化可能与染色质的凝缩有关。1990 年，我国科学家白春礼首次清晰地观察到了 DNA 分子的三链结构——三链辫状缠绕结构。这一发现进一步补充和发展了沃森和克里克的 DNA 分子结构模型，大大加深了人们对 DNA 分子的认识。

◆ 遗传密码的破解与基因的功能

DNA 双螺旋结构模型的确立使遗传学发生了革命性的变化，证明了基因就是 DNA 分子的一个区段，一个 DNA 分子可以包括几个乃至几千个基因。在此以前，人们已知道了遗传信息从基因到性状的途径和方式，即基因→（氨基酸）肽链→蛋白质→代谢→表现型。科学家急于想了解的是：基因在分子水平上是如何传递遗传信息并控制蛋白质的合成的。

沃森和克里克在发现 DNA 的分子结构以后，曾认为 DNA 的每条链都可能作为模板转录成一个携带遗传信息的分子，并推断这种分子可能是另一种核酸——RNA（核糖核酸）。细胞核中 DNA 分子上由不同碱基顺序所包含的特定遗传信息可以通过 RNA 带到细胞质的代谢场所，在那里遗传信息被翻译成蛋白质的氨基酸顺序，这就是“中心法则”的基本思想。这样，就把 DNA 分子上核苷酸的碱基序列与多肽链上的氨基酸序列联系起来了，这种联系是由“遗传密码”来完成的（参见图 4-1-6）。

科学家立即证实了蛋白质的合成是在细胞质中核糖体上进行的，而且发现蛋

白质的合成不受细胞核中 DNA 的直接影响，同时，又在大鼠的细胞提取液中发现了一种能特异地和某种氨基酸结合的 RNA，这就更进一步明确了 RNA 引导蛋白质合成的功能（参见图 4-1-7）。这种能使遗传信息从 DNA 转移到核糖体上的 RNA 称为信使 RNA（mRNA）。DNA 除转录成 mRNA 分子外，还可形成专一地转运氨基酸的 RNA（称为转运 RNA，tRNA），以及（与蛋白质一起）构成核糖体的 RNA（称为核糖体 RNA，rRNA）。这些研究成果为深入研究 DNA 控制蛋白质合成的机理奠定了坚实的理论基础和实验体系。

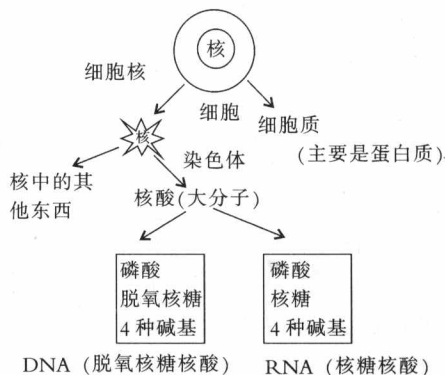


图 4-1-6 遗传密码的破解

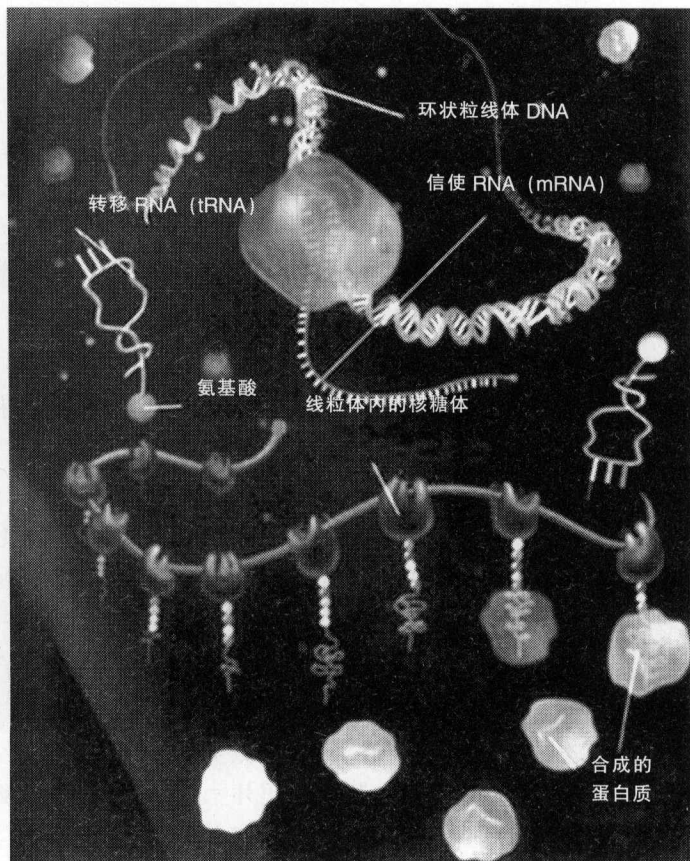


图 4-1-7 蛋白质的合成过程

众所周知，组成 DNA 的核苷酸碱基只有 4 种：A、T、G、C。那么，4 种碱基如何能编码 20 种氨基酸呢？这是当初人们觉得 DNA 不可能是遗传物质的“理由”之一。显然，如果一个碱基编码一个氨基酸，剩下的 16 种氨基酸就没有对应的密码子了。即使，两个碱基编码一个氨基酸，也仍然还有 4 种氨基酸没有着落。这样，至少应该是 3 个碱基对应一个氨基酸。事实上，1954 年，美籍俄罗斯科学家伽莫夫提出的遗传密码方案就认为在核酸分子的多核苷酸链上，相邻的 3 个碱基可作为一种决定氨基酸的密码。既然碱基组合有 $4^3=64$ 种方式，而氨基酸只有 20 种，我们有理由相信：可能不同的三联密码对应着同一种氨基酸。即遗传密码存在“简并性”。

1961 年，克里克和布伦纳等用化学诱变剂在噬菌体 DNA 分子的两个相邻核苷酸之间插入了一个核苷酸，结果发现在所形成的蛋白质肽链中插入了一段不正确的氨基酸；如果在该 DNA 分子中再减去一个碱基或者加上两个碱基，结果 DNA 又可以控制形成正常的蛋白质，尽管在肽链中有一小段氨基酸的顺序被改变，但这并不影响蛋白质的功能，可见核酸密码的确是由 3 个核苷酸所组成的。

美国生物化学家尼伦伯格等在 1963 年通过实验查清了氨基酸的密码子。他们把一个人工合成的多聚尿苷的 RNA 加到一个人工细胞系统中，结果发现这种全部由尿嘧啶 (U) 所组成的单一多聚尿苷，能产生同样是单一的多肽链，即它的氨基酸残基全部是苯丙氨酸。这就证明了苯丙氨酸的密码是 UUU。同年，美籍西班牙生物学家奥乔亚也做了类似的实验，查清了许多决定氨基酸的密码子。同时也发现，许多不同氨基酸所对应的密码子中碱基的组成是相同的。如亮氨酸、半胱氨酸和缬氨酸的密码子中都含有两个 U 和一个 G。另外，甘氨酸、色氨酸和缬氨酸的密码子中又都含有两个 G 和一个 U。那么，是否是它们排列顺序的不同决定了氨基酸的不同呢？

为了解决这一问题，美国生物化学家柯拉纳 (1964 年) 做了一个巧妙的实验。他首先合成了一个 U 和 G 交替排列的核苷酸共聚物： $\cdots\text{UGUGUGUGUGUG}\cdots$ ，然后以它作为模板合成蛋白质多肽链，结果产生了一个……半胱氨酸-缬氨酸-半胱氨酸-缬氨酸……的多肽链。这个实验有力地证明了亮氨酸密码子中碱基的排列不是 UGU，同时也证明了含有两个 G 的色氨酸和甘氨酸的密码子不是 GUG。因为，UGU 生产的是半胱氨酸，GUG 产生的是缬氨酸。利用这种方法，科学家们进行了无数次的实验，最后终于搞清了 20 个氨基酸的相应密码子。同时还发现，除了甲硫氨酸和色氨酸只被一个密码子编码外，其他 18 个氨基酸都为两个或两个以上的密码子所编码。此外，还有 3 个密码子 UAG、UAA 和 UGA 没有任何字义，也不表示任何氨基酸，这就相当于肽链的“标点符号”（句号或逗号）。根据这些研究结果，克里克在 1966 年编制了遗传密码表。

根据这一理论和遗传密码表，我国科学家在 1965 年成功地合成了具有生物活性的结晶牛胰岛素，充分展示了我们卓越的智慧和高超的实验技能。这是中国科学家对生物化学、遗传学的伟大贡献（参见图 4-1-8）。

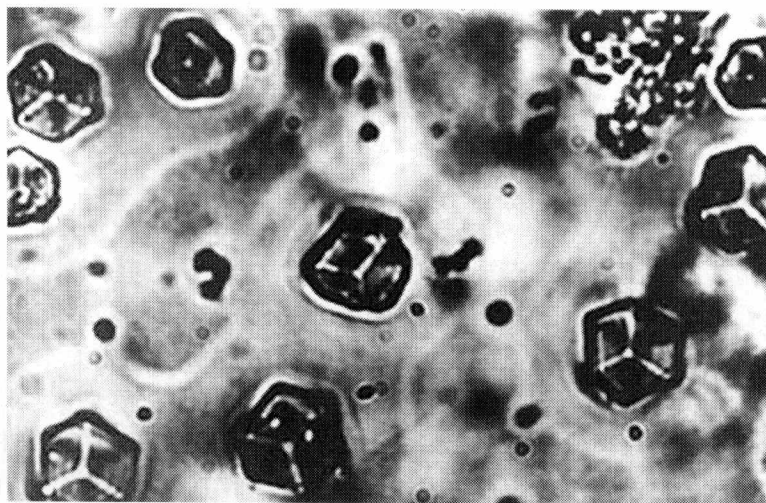


图 4-1-8 我国科学家1965年合成的结晶牛胰岛素

1975 年，比利时的菲尔斯等发现一种噬菌体的 RNA 分子是由 3569 个核苷酸组成的，其先导序列是 129 个核苷酸。接下来是控制 A 蛋白合成的基因（含有 1179 个核苷酸），依次往后是基因间隔区（含有 26 个核苷酸）、控制外壳蛋白质合成的基因（含有 390 个核苷酸）、基因间隔区（含有 36 个核苷酸）、控制复制酶合成的基因（含 1635 个核苷酸），最后是由 174 个核苷酸所组成的末端序列。在搞清了这几个基因核苷酸组成后，他们又分析了外壳蛋白质 129 个氨基酸的顺序，也分析了外壳蛋白基因 390 个核苷酸的顺序，结果发现它们二者的关系完全符合密码表上的对应关系。从而证明了三联体密码在生物界中的普遍性。

基因的认识，特别是遗传密码的解码，好比是让我们拿到了认识生命奥秘的钥匙，掌握了“芝麻开门”的魔咒。从此，我们可以一步步透视生命的本质，打开生命的宝藏。我们可以在遵循自然规律的前提下，按照自己的意愿改造生命，创造全新的生命形式，最大限度地开发生命所赋予的潜能，极大地改善我们的生存环境、提高生活质量。