

生命科学名著



[英] T.A.布朗 著
袁建刚 等 译

基因组 2

..... GENOMES 2



科学出版社

www.sciencep.com

生命科学名著

基因组 2

(Genomes 2)

[英]T. A. 布朗 著

袁建刚 等 译

科学出版社

北 京

图字 01-2003-6826 号

内 容 简 介

基因组学曾是生命科学前沿,如今已逐步成为大学基础课。本书以清晰而简明的写作风格将基因组学的新观点与研究基因表达的传统方法相结合,为基因组作为生命蓝图所起的重要作用提供了最新理解。全书从四个方面展开论述,分别为:基因组、转录组和蛋白质组,基因组研究,基因组功能和基因组的复制与进化。

本书在《基因组》的基础上对原有章节进行重排,更新、扩增了大量内容,使背景资料更充实。本书采用大量的图表,形象而简洁,适合各层次的学生使用,是一本适合作教材的“基因组学”读物。

本书可作为生物类及相关本科生和研究生的课程教材,也可供专业科技人员阅读。

T. A. Brown

Genomes 2

Copyright ©2002 All rights reserved

Authorised translation from English language edition published by BIOS, a member of the Taylor & Francis Group

图书在版编目(CIP)数据

基因组 2/(英)布朗(Brown, T. A.)著;袁建刚等译. —北京:科学出版社, 2006

(生命科学名著)

ISBN 7-03-015474-6

I. 基… II. ①布…②袁… III. 基因组-教材 IV. Q343.2

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2005)第 044600 号

责任编辑:李 悦 谢灵玲/责任校对:包志红

责任印制:钱玉芬/封面设计:王 浩

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>

新蕾印刷厂 印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

*

2006年6月第 一 版

开本: 787×1092 1/16

2006年6月第一次印刷

印张: 41 插页: 6

印数: 1—4 000

字数: 935 000

定价: 85.00 元

(如有印装质量问题,我社负责调换〈环伟〉)

译者名单

主 译 袁建刚 彭小忠 强伯勤

参译人员(按姓氏汉语拼音排序)

晁腾飞	陈 涛	樊 峥	方福德	高 静	龚燕华
花 芳	刘 奔	刘 瑾	陆彩玲	彭鲲鹏	彭 勇
邱飞婵	申 林	石 磊	王华瑾	王来元	王 勇
温见燕	文中伟	徐雅琴	阳洪波	阴 彬	尹丽娜
岳继平	郑 亘				

译者序



基因组，集生命之大成者，有人称之为生命的上帝。这个上帝的手中掌握着人类生老病死和所有生命活动的奥秘。20 世纪中后叶以来，科技的进步使探讨基因组奥秘成为可能。因此，上帝之手终于一点点松开了，我们终于开始从中窥视到绚丽多彩的生命之源。T. A. 布朗在总结了基因组研究主要成果的基础上，于 1999 年编写了《基因组》第一版，为了反映基因组研究的最新进展，作者又于 2002 年出版了基因组 2。

作为一部优秀的分子生物学和生命科学的教材，它为我们提供了独特的思路、崭新的知识、新颖的风格和灵活多样、生动活泼的表达方式。本书既是一部教科书，又像是一部专业词典和技术工具书，兼容并包，颇具美感和动感效果。

选择“基因组”作为一个命题撰写一部教科书，既是科学发展之大势所趋，又是一项艰巨的任务。当今，在大学、研究院（所）和企业里，涉及生命科学的研究、开发和应用，大多受到基因组科学的影响。这是因为基因组科学给我们带来了观念上和技术方法上的飞跃。在观念上，使我们把基因组的活动和功能作为一个整体来看待，它由个别基因的活动和功能的网络作用综合而成，这更加靠近生命活动的真实。在技术方法上，为了达到综合和集成，产生大量数据和信息，发展了高通量技术平台。因此，发展基因组科学是利在当代，功在千秋的大业。但是，毕竟基因组科学属于宝塔尖里的科学，太前沿，以致大学分子生物学和生命科学类教科书极少涉及。在以往此类教科书中，即使含有有关基因的描述，也都是针对单个基因的，基本处于零敲碎打、坐井观天状态。因此，欲在经典的分子生物学领域里，围绕基因组这个核心把多种知识整合起来，并且做到条理化、系统化，实属不易。但是，我们看到，《基因组》一书做到了。

该书为生命科学和分子生物学提供了一个全新的视角，避免了沿袭旧教材的套路，独树一帜，挑选了基因组科学中最基本和最受关注的 3 个方面作为主要内容，它们是：基因组功能、基因组的复制与进化以及基因组研究方法。这些内容在现有教科书中是找不到的，必须依靠作者从现刊中搜集以及丰富知识与经验的积累。正如原书作者在致谢中所言，本书素材来源于最近出版的 *Nature*、*Science*、*Trends in Genetics* 和 *Trends in Biochemical Sciences* 等著名杂志。由此可见其内容之新、之前沿。

新字当头，注重系统性及与传统知识的链接，是该书的另一特色。作者深知，作为一本教科书，新旧知识和概念恰到好处的链接和系统化，是其性质所决定的，也是一本教科书成败至关重要的标志。读者只要浏览一下目录，对全书各部分要介绍的内容即有一个系统完整的印象，求知欲油然而生。

本书的再一个独特之处是表达方式生动、活泼、多样、图文并茂。全书每个篇章除正文外，还包括图例、解释框、技术注解和研究简报、阅读目录和附录，它们单独归类编排，内容翔实、深入浅出、实用，引人入胜，与正文光彩互映。

本书“图例”堪称一绝，它不仅简要明了，而且好临摹、易理解、有助记忆，真可谓一图可抵千言。

“解释框”含有从正文中挑选出来的一些独立的部分，以起强调作用或避免打断正文的流畅性。一些“解释框”概括了有关正文中充分讨论的内容的要点或为后文相关议题提供方向，其他一些“解释框”为大家感兴趣的议题提供更为广泛的内容，有些则是对那些尚无结论的领域提供目前的推测。

“技术注解”是对基因组研究中一个或一组重要技术的较完备的解释。“技术注解”与正文相连，位于正文中首次提到的该技术之处。读者也可以在阅读整本书之前，预先读完所有的“技术注解”，这样可以在学习之初就获得很好的实验技术方面的背景。

“研究简报”用于列举研究基因组的一些策略。每一个简报都是以一个或多个研究论文为基础，以解释研究项目的背景和基本原理，描述如何分析结果数据和概括总结出来的结论。目的是阐明实际的科研方法以及分子生物学研究如何为基因组认识提供资料。“研究简报”中的所有文献都是经典之作，都曾对我们理解基因组产生过重要影响，但目的不是把它们当作“名篇荟萃”。读者应该意识到，基因组研究进展如此之快，每年都有许多同等重要的文献出版。

“阅读目录”包括“参考文献”和“扩展读物”。参考文献有助于解释一项研究工作的背景和意义，使读者撰写扩展性评论或专题论文时有较大的参考价值。扩展读物包括那些并未在正文中直接引用，而又含有有用的附加信息的书和综述，作者对所选的扩展读物都作了简要介绍，供读者参考。

非常感谢原书作者为我们奉献了这么优秀的教科书。为了促进我国高等院校有关基因组科学的教学和研究工作向前发展，在科学出版社的大力支持下，我们翻译出版了《基因组 2》一书。参加本书翻译的人员都是在科研第一线工作的科研工作者和博士研究生，他们承担着国家多项重大科研任务，工作十分繁忙，为了此中译本的顺利出版，全体参译人员利用节假日和业余时间勤奋工作。但是由于此书涉及的领域十分广泛，内容非常丰富，新概念、新技术贯穿全书，而参译人员的知识背景又有一定的局限性，虽然我们尽了最大努力争取中译本尽量忠于原著，但也认识到译文的不准确或不贴切之处还是难以完全避免。因此，衷心希望广大读者对本书的谬误之处多提宝贵意见，以便再版时使此书更加完善。

译者

2005 年 11 月

第二版序

《基因组》问世后又过去了三个鼓舞人心的年头，果蝇、拟南芥和人类的基因组草图绘制工作已经完成，现在原核生物基因组序列正以平均每个月两种或三种的速度得到公布。研究转录组和蛋白质组的实验方法正在逐步成熟，它们给基因组表达的研究带来了全新的视野。在此同时，基因组表达和复制的过程得到了更为详尽的阐释。所有这些进展都纳入到了《基因组 2》。本书第 1 章的中心是人类基因组，随后在第 1 篇的后续章节中笼统概括了基因组的物理和遗传结构，并以对转录组学和蛋白质组学的展望作为结束。在第 2 篇，即研究基因组的方法学这一部分中，补充了关于克隆和 PCR 技术的全新的一章，这些内容在第一版中仅仅分散插述，并不令人十分满意。同时对测序和功能研究的章节进行了更新，力求反映 1999 年以来的技术进展。对基因组表达的第 3 篇，以及有关基因组复制和进化的第 4 篇也进行了全面更新。许多读者称赞第一版《基因组》与时俱进，我希望第二版能够继续保持这一优点。

为了使这本书更便于读者阅读，我们做了相应的一些更改。第 1 篇的内容进行重新编排后，给那些初次接触分子生物学的学生一个更加深入浅出的介绍。每一章节的后面都补充了一系列的辅助内容，希望这些内容不但能够引导读者阅读本书，而且是一个直接的补充辅导资料。在每一章的起始部分我都列出了学习纲要，这是近年来最实用的教学改革成果，目前是英国许多大学教学改革质量测评中的必需项目。

衷心感谢所有热心批评和对《基因组 2》提出建议的人们，你们在阅读的过程中会发现，作为对你们的意见和建议的反馈，新的版本中做出了大大小小的修改。我非常感谢 BIOS 的 Jonathan Ray 和 Simon Watkins 在我编写本书的过程中所给予的全力支持，同时我衷心感谢 Sarah Carlson 和 Helen Barham，正是他们的通力协作，才使得这本书的面世过程不令人感到压力。最后，我要感谢我的妻子 Keri，没有她的支持，就不会有本书。在第一版《基因组》中我写道：“如果这本书对你有帮助，那就请你谢谢 Keri，而不是谢谢我，因为是她促成了本书的完成”，我很高兴能有这样的人促使我致力于本书的编写。

T. A. 布朗
于曼彻斯特

第一版序

《基因组》这本书希望以一种全新的方式来进行分子生物学本科生教学。它的编写鉴于这样一种理念：大学分子生物学教学大纲必须反映新千年的主要研究方向，而不应再是那些 20 世纪 70 年代或者 80 年代流行过的主题。因此这本书重在讨论基因组而非基因，因为我们认识到今日的分子生物学所取得的进展更多地来自于基因组测序和功能研究而非单个基因的功能分析。绝大多数在校分子生物学本科生毕业后将从事基因组方面的研究，所有这些人都会发现，他们的工作将会或多或少地受到基因组研究的影响。如果对大学生授课的目的是为他们将来的研究生涯作准备的话，那么就应该向他们教授基因组方面的知识！

当然如果就此断定单个基因研究不再重要，这将是非常愚蠢的做法。在编著《基因组》的过程中我所面临的主要挑战是如何将传统分子生物学教学大纲与基因组学的新进展有机结合起来。当然，如果试图完全用“从基因组到蛋白质组”的术语来笼统描述从 DNA 到蛋白质的过程，这是行不通的，因此《基因组》中相当一部分内容仍然着重于单个基因的表达途径。这本书的与众不同之处在于，它将具体基因的表达途径包含在基因组的功能和活性这样一个整体的概念之中。同样，对 DNA 的复制、突变和重组的叙述也是讲述它们对整个基因组的影响，而不是简单对基因复制和变化过程的影响。

分子生物学教学必须以基因组为中心，这一理念在我编写这本书的过程中不断得到巩固和强化，与传统的教学大纲相比，这种新的教学理念显得更加完美，信息量更大。许多过去对我来说属于边缘性的主题现在逐渐凸现出来，并显出其新的重要性。希望我能将在撰写本书过程中所感受到的兴奋之情传递给读者。

T. A. 布朗
于曼彻斯特

内容介绍

为了尽可能使《基因组 2》便于使用，我在设计本书时采取了许多措施，尽量方便读者，并使教学更为有效。

本书的结构

本书分为四部分：

- **第 1 篇“基因组、转录组和蛋白质组 (Genomes, Transcriptomes and Proteomes)”** 介绍现代分子生物学的中心概念。第 1 章从 DNA 入手，总括人类基因组的主要特点。第 2 章将总体讨论真核和原核生物基因组。第 3 章运用转录组和蛋白质组的新概念来阐述基因组表达的基本步骤。在第 1 篇结束时读者将很好地掌握基因组的结构和组成的专业知识，并且概要地理解基因组所包含的信息是如何释放从而成为细胞的有效信号。
- **第 2 篇“基因组研究 (Studying Genomes)”** 开篇的一章 (第 4 章) 即以克隆和 PCR 为重点介绍了那些在前基因组时代用于研究单个基因的方法。随后按基因组计划的研究顺序介绍了专用于基因组的研究方法：构建遗传学图和物理图谱的方法 (第 5 章)；DNA 测序方法和拼接基因组连续序列的策略 (第 6 章)；确定基因组序列中所包含的基因和这些基因在细胞中功能的方法 (第 7 章)。人类基因组计划是整个第二部分的主线，但非惟一内容，同时我努力全面涉及这一过程中所用的和正在使用的策略，从而有助于理解其他生物的基因组。
- **第 3 篇“基因组功能 (How Genomes Function)”** 涵盖了以前“从 DNA 到 RNA 到蛋白质”的内容 (按我的观点这些内容是不足的)。第 8 章着重介绍染色质结构如何影响基因组表达。第 9 章阐述原核和真核生物转录起始复合物的组装，其中详尽讨论了 DNA 结合蛋白，它们在基因组表达的起始阶段发挥极其重要的作用。第 10 章和第 11 章全面阐述 RNA 和蛋白质合成，第 12 章讨论基因组活性的调节。因为许多不同的主题都与基因组活性的调节相关，因此，要想将第 12 章掌握在一定的范围之内并非易事，我希望通过具体范例来讨论一般规律，从而达到既简洁又全面的目的。
- **第 4 篇“基因组的复制与进化 (How Genomes Replicate and Evolve)”** 将 DNA 的复制、突变和重组与基因组随时间的逐渐进化联系起来。在第 13 章和第 14 章中讨论了复制、突变、修复和重组的分子机制，第 15 章则讨论了这些过程对基因组结构和遗传内容的形成发生影响的可能途径。最后，在第 16 章中介绍了分子系统学，它可以作为推断 DNA 序列间进化关系的工具，有关其应用方面的资料日渐丰富。

章节编排

学习要点

每一章的前面都有一套学习要点，这些要点的词句都经过仔细推敲。它们不仅仅是每一章的内容提要，而且指明了学生阅读该章节后应该掌握的知识水平和层次。因此，学习要点用简洁的词汇精确地陈述了学生所应该达到的预期学习目的：哪些内容他们应该能够独立阐述、描绘、讨论、解释和评价。这样做是为了使学生明白他们学习每一章的目标，从而确切无疑地了解他们是否已经满意地掌握了这些材料。

图 例

好图可抵千言，糟糕的图让人晕头转向，而多余的图则让人心烦意乱。因此我尽力保证每一幅图都必不可少并且都达到其目的，而不仅仅是用来将正文分段从而使之更加美观。同时我尽力使图例易于临摹，因为这在我看来更有助于学生学习。我一直不能理解那些把教科书的图例艺术化的做法，因为如果不能临摹，那样的图例也仅仅只是一张图而已，并不能帮助学生理解其所欲传递的信息。本书中的插图尽可能清晰简洁。

解释框、技术注解和研究简报

每一章的正文都有附加资料加以支持和补充，这些内容分为三类：

- **解释框** (Boxes) 含有从正文中挑选出来的一些独立的部分，以起强调作用或避免打断正文的流畅性。一些解释框概括了有关正文中充分讨论的内容的要点，或为后文相关议题提供方向。有些为大家感兴趣的议题提供更为广泛的内容，有些则是对那些尚无结论的领域提供目前的推测。
- **技术注解** (Technical Note) 是对基因组研究中一个或一组重要技术的较完备的解释。技术注解与正文相连，位于正文中首次提到该技术之处。也可以在阅读整本书之前，预先读完所有的技术注解，这样读者可以在学习之初就获得很好的实验技术方面的背景。
- **研究简报** (Research Briefing) 用于列举研究基因组的一些策略。每一个简报都是以一个或多个研究论文为基础，以解释研究项目的背景和基本原理，描述如何分析结果数据和概括总结出来的结论。目的是阐明实际的科研方法以及分子生物学研究如何为基因组认识提供资料。

阅读目录

每章后面的阅读目录分为两部分：

- **参考文献**是文中所引用的文献目录。《基因组 2》本身并不是研究论文，书中不是按照适用于综述或科学论文的方法引用文献。许多要点和事实都没有被直接列为参考文献，所引文献多是综述，而不是相关的原始研究文献。例如，在某些情况下，我选择 *Science* 中的 Perspective 或 *Nature* 中的 News & Views 等文献，而不选研究论文，因为这些综合性的文章对解释一项研究工作的背景及意义更有帮助。《基因组 2》旨在使参考文献对学生撰写扩展性评论或专题论文时，有尽可能大的参考价值。
- **扩展读物**包括那些并未在正文中直接引用，而又含有很有用的附加信息的书和综述。大多数情况下，我都附加了一行摘要来申明每一读物的意义，以帮助读者选择定夺。这些目录并非包括全部，我鼓励读者花费一些时间查阅他们图书馆的书架找一些书和文章。浏览是帮助你发现从未意识到的兴趣的一个绝妙方法。

学习辅助材料

每一组学习辅助材料分为三个部分：关键词、自学题目、探讨性学习。

关键词

在这个列表中给出了学生在首次阅读时遇到的关键词汇和短语，同时给予了这些词汇简洁的解释。所有这些词汇在正文中都用黑体重点突出，并且在词汇表中加以定义，学生在完成练习后可以检测自己的答案是否正确。

这种短小精悍的定义是校正学习的好帮手：如果学生对每一条重要词汇都有清晰的概念，那么他们一定真正掌握了每一章的实质性内容。

自学题目

要求用 100~500 个字，或者个别情况下通过引用图例或表格来回答问题。这些问题以一种简单明了的方式涵盖了每一章的所有内容，查找正文中相应的部分即可得到正确答案，从而加深对主题的理解。学生可以依据自学提问对每一章节进行系统学习，或者通过选择回答其中的单个问题来检测自己对某一特定问题的回答能力。自学题目亦可用于闭卷考试。

探讨性学习

这是一种以学生为主体的学习模式，以小组为单位，围绕某个问题进行探讨，从而获取信息。绝大多数采纳这种方式的学生和教师认为，对比传统方法而言，以解决问题

为目的的学习方式更加行之有效，也更富有乐趣。问题的性质和难易程度各不相同，有的在因果关系上非常直截了当，只需要查阅相应的文献，其目的是使学生对由基因组所引申的问题有进一步的理解。某些问题需要学生对某种观点或假说进行评价，虽然可以通过广泛阅读来求证，但是很多情况下会激发活跃的思维和批判意识。也有一些难题，没有固定的答案。其目的是引起讨论和思考，从而拓宽每一个学生的知识面，促使他们对自己的观点进行全面的思考。以问题为中心的学习应该以小组为单位进行，每个小组有5~10名学生，每个项目持续1~2周，以学生和辅导员之间的一系列讨论会为主，中间也有一些学生们自己组织的讨论。辅导员引导学生组织思路，避免无益的探讨，并且指出他们的重大疏忽。最后，这种练习需要一个书面的报告，一个墙报，或一次口述报告，或者三者相结合。本书中的绝大部分问题都可以用其中任意形式来表达，而且许多都适合在辅导中作为论题。书后不附答案，因为这样做会影响我们的初衷，那就是促使学生自己解决问题。

附录——跟踪最新动态

附录为读者提供了一些关于了解最新研究进展的最好方法的建议。附录分为两部分，第一部分包括各种杂志和其他有关基因组研究的综述和新闻等出版物，第二部分是一些含有相关信息的网址。

词汇表

我非常赞同把词汇表当作学习助手，我为本书提供了一个很庞大的词汇表。正文中用黑体加以突出的每一个词汇都在词汇表中给予定义，表中也包括一定数量的其他词汇，读者可能在阅读目录里提到的书或文献中遇到这些词汇。并且这些词汇也在索引中列出，使读者能够尽快地查找到相关的页码，那里有对词汇的详细介绍。

缩略语

AIDS	获得性免疫缺陷综合征	HIV	人免疫缺陷病毒
AP	无嘌呤/无嘧啶	hnRNA	核异质 RNA
ARS	自主复制序列	HPRT	次黄嘌呤磷酸核糖转移酶
ASO	等位基因特异的寡核苷酸	IF	起始因子
ATP	腺苷三磷酸	Inr	起始物
bp	碱基对	IRES	内部核糖体进入位点
BSE	牛海绵状脑病	ITF	整合宿主因子
cAMP	环 AMP	ITR	末端反向重复
CASP	CTD 相关 SR 样蛋白	JAK	Janus 激酶
CHEF	高筛位均匀电场	kb	千碱基对
CPSF	切割与多聚腺苷酸化特异性因子	LCR	基因座控制区
CRM	染色质重建器	LINE	长散布核元件
CstF	切割刺激因子	LTR	长末端重复
DAG	甘油二酯	MAP	促分裂原活化蛋白
DASH	动态等位基因特异的杂交	MAR	基质相关蛋白
DBS	双链 DNA 结合位点	Mb	兆碱基对
DNA	脱氧核糖核酸	MeCP	甲基化 CpG 结合蛋白
dsRAD	双链 RNA 腺苷脱氨酶	MGMT	O ⁶ -甲基鸟嘌呤-DNA 甲基转移酶
dsRBD	双链 RNA 结合结构域	mRNA	信使 RNA
EEO	电内渗值	NHEG	非同源末端连接
EMS	乙基甲烷磺酸	OFAGE	正交变电场凝胶电泳
ERV	内源性反转录病毒	ORF	可读框
ES	胚胎干细胞	PAC	P1 衍生的人工染色体
EST	表达序列标签	PADP	多聚腺苷酸结合蛋白
FEN	侧翼内切核酸酶	PCNA	增殖细胞核抗原
FIGE	倒转电场凝胶电泳	PCR	聚合酶链反应
FISH	荧光原位杂交	PTRF	聚合酶 I 与转录释放因子
GABA	γ -氨基丁酸	RACE	cDNA 末端快速扩增
GAP	GTP 酶活化蛋白	RBS	核糖体结合序列
GNRP	鸟嘌呤核苷酸释放蛋白	RC	复制复合物
GTF	一般转录因子	RF	释放因子
GTP	三磷酸鸟苷	RFC	复制因子 C
HAT	次黄嘌呤、氨基蝶呤与胸苷	RFLP	限制性片段长度多态性
HBS	异源双链结合位点	RLF	复制许可因子

RNA	核糖核酸	SSB	单链结合蛋白
RNP	核糖核蛋白	SSLP	简单重复序列长度多态性
RPA	复制蛋白 A	STAT	信号转导与转录激活
rRNA	核糖体 RNA	STR	短串联重复
RTVL	反转录病毒样元件	STS	序列标签位点
RT-PCR	反转录聚合酶链反应	TAF	TBP 相关因子
SAP	应激激活蛋白	TBP	TATA 框结合蛋白
SAR	支架附着区	TF	转录因子
scRNA	小细胞质 RNA	TK	胸苷激酶
SINE	短散布核元件	T_m	解链温度
SIV	猴免疫缺陷病毒	tmRNA	转运-信使 RNA
snoRNA	小核仁 RNA	TPA	组织型纤溶酶原激活剂
SNP	单核苷酸多态性	tRNA	转运 RNA
snRNA	小核 RNA	VNTR	可变数目串联重复序列
snRNP	小核核糖核蛋白	YAC	酵母人工染色体
SRF	血清反应因子		

图 版

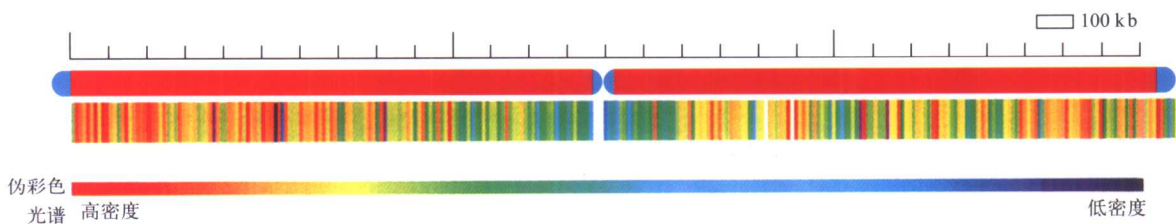


图 2.11 拟南芥五条染色体中最大一条染色体上基因密度

1 号染色体长 29.1 Mb，测序的部分用红色表示，着丝粒和端粒用蓝色表示。染色体下的基因图以伪彩色光谱给出了基因密度，从深蓝色（低密度）到红色（高密度）。密度变化每 100 kb 从 1 个到 38 个基因。从 AGI (the *Arabidopsis* Genome Initiative) 获准复制，*Nature*, 408, 797~815. Copyright 2000 Macmillan Magazines Limited

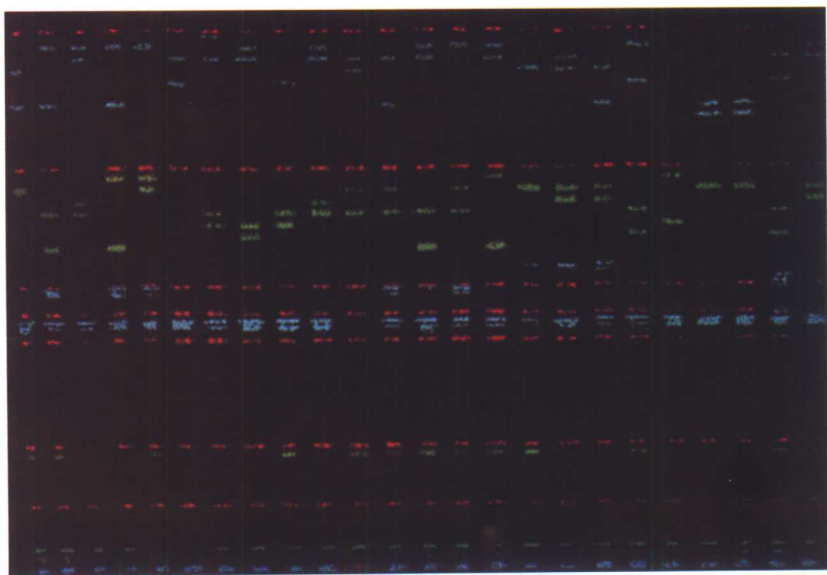


图 2.25 遗传作图中使用微卫星分析

此例中，位于 6 号染色体短臂的微卫星用 PCR 扩增（见 4.3 节），PCR 产物用蓝色或绿色荧光标记并进行聚丙烯酰胺凝胶电泳（见技术注解 6.1），每条泳道显示了每个人的遗传图。没有任何两个人的遗传图相同，因为每个人都有一套不同的微卫星等位基因，等位基因使 PCR 后产生不同大小的带，红带是 DNA 分子标记，图像由 Biosystem 提供（Warrington, UK），经允许后复制



图 3.11 人类不同类型细胞的转录组比较

该图显示了垂直排列的人类 11 号染色体。柱形图说明不同细胞类型中该染色体上基因的表达水平。蓝色柱的长度与基因表达水平成比例，红色柱表明该基因的表达水平比该图比例尺所能容纳的还要高。方框突出显示了正常和癌变的乳腺组织细胞中转录组的显著差异。经许可复制，Caron et al., *Science*, 291, 1289~1292. Copyright 2001, American Association for the Advancement of Science