第一图书网, tushu007.com

<<非编码RNA>>

图书基本信息

书名：<<非编码RNA>>

13位ISBN编号：9787122011770

10位ISBN编号：7122011771

出版时间：2008-1

出版时间：化学工业出版社

作者：J.巴奇斯伊斯基

页数：341

字数：384000

译者：郑晓飞

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

内容概要

非编码RNA是不参与蛋白质编码的RNA的总称。
虽然不参与蛋白质的编码，但是非编码RNA却是RNA实现功能的关键。
　本书从分子生物学、生物技术、生物信息学和分子医学等对非编码RNA 进行了多角度的介绍。
首先对非编码RNA的结构、性质和功能进行了一个总体评述，目的是讨论非编码RNA的作用和由来；然后对基因组中非编码RNA 识别的不同方法，形成独特种类的染色质相关RNA，H19基因，miRNA，RNA 干扰，不同的类型应激诱导的ncRNA，snoRNA等内容进行了介绍。
　本书适用于生物技术、医学基础领域从事RNA相关研究的技术人员，也可供相关专业研究生参考。

书籍目录

前言第1章 核糖核酸调节子概述　1.1 引言　1.2 核糖核酸的特性　1.3 编码和非编码转录物　1.4 RNA调节子的功能　1.5 展望　参考文献第2章 内含子和非编码RNA：真核生物复杂性的隐含层　2.1 引言　2.2 非编码RNA代表了哺乳动物及几乎所有复杂生物基因组的主要产物　2.3 内含子和ncRNA是否代表了基因表达的第二个层次　2.4 内含子　2.5 非编码RNA　2.6 非编码RNA的起源和命名法　2.7 “基因”的新定义——一个具有顺式作用调节元件的转录集合　2.8 涉及RNA的复杂遗传现象　2.9 RNA结合和信号转导蛋白　2.10 ncRNA的可能功能　2.11 一个新的遗传学　参考文献第3章 基于计算发现非编码RNA　3.0 摘要　3.1 引言　3.2 蛋白质编码基因和ncRNA基因的发现　3.3 用户定制的ncRNA基因发现程序　3.4 可重新配置的ncRNA基因发现程序　3.5 从头开始的ncRNA基因发现——在没有序列或结构先验知识的情况下寻找基因　3.6 ncRNA基因预测程序的现状与展望　致谢　参考文献第4章 Xist RNA与染色质结合并导致基因沉默　4.0 摘要　4.1 引言　4.2 Xist基因　4.3 胚胎中Xist介导基因沉默的起始　4.4 Xist表达的调控——计数和选择X染色体　4.5 Xist发挥功能的机制　4.6 一种Xist功能模型　4.7 关于进化的思考　4.8 结语　参考文献第5章 果蝇中的剂量补偿作用：核蛋白体复合物介导的转录上调　5.1 概述　5.2 剂量补偿作用的不同机制　5.3 剂量补偿作用的基本原则　5.4 通过染色质修饰的雄性特异的高转录　5.5 雄性特异剂量补偿实现依赖于性别致死抑制子的缺失　5.6 DCC的组成　5.7 roX RNA是染色质进入位点　5.8 DCC的有序组装　5.9 MSL蛋白的特殊功能以及它们之间的相互作用　5.10 roX RNA是剂量补偿所必需的　5.11 模型和展望　参考文献第6章 H19印迹RNA的结构、调节和功能　6.0 摘要　6.1 引言　6.2 调节性RNA　6.3 H19的印迹　6.4 H19的组织特异性表达　6.5 H19的保守序列　6.6 H19与生长控制　6.7 H19 RNA是否有功能？
参考文献第7章 microRNA　7.0 摘要　7.1 引言　7.2 miRNA的发现和分离　7.3 miRNA的特征　7.4 lin-4的作用机制　7.5 参与miRNA产生与功能的蛋白质　7.6 寻找miRNA的靶位点　7.7 人工miRNA　7.8 结语　参考文献第8章 siRNA和miRNA：微小，但是强大　8.0 摘要　8.1 micoRNA　8.2 小干扰RNA　8.3 siRNA引发RNAi的应用　参考文献第9章 植物中的转录后基因沉默　9.0 摘要　9.1 引言　9.2 多条途径产生双链RNA起始植物PTGS　9.3 从dsRNA到RNA降解途径的沉默模型　9.4 PTGS在植物中的作用　9.5 结论　参考文献第10章 RNA指导的DNA甲基化及染色质修饰　10.0 摘要　10.1 引言　10.2 同源依赖的基因沉默　10.3 RNA指导的DNA甲基化(RdDM)现象的发现及其特征　10.4 RdDM的分子机制　10.5 RNA指导的染色质修饰　10.6 RNA沉默的进化机制　10.7 展望　致谢　参考文献第11章 脑特异的非信使RNA　11.0 摘要　11.1 引言　11.2 脑内的大分子nmRNA　11.3 脑内的snmRNA　11.4 展望　致谢　参考文献第12章 snoRNA世界的新领域　12.0 摘要　12.1 引言　12.2 修饰指导snoRNA的两大家族　12.3 snoRNP的生成　12.4 指导snRNA修饰的新snoRNA　12.5 寻找RNA靶点时发现的孤儿snoRNA　12.6 脑特异的印迹snoRNA　12.7 修饰指导snoRNA的古菌同源物　12.8 古菌tRNA同样是靶点　12.9 结语　致谢　补充证据　参考文献第13章 植物细胞中非编码RNA或短可读框编码RNA研究的新进展　13.0 摘要　13.1 存在于植物和动物中没有长ORF的mRNA　13.2 仅含有sORF的mRNA参与植物的生长和发育　13.3 作用的可能机制　13.4 展望：小调控RNA和sORF编码的寡肽作为新基因表达调控子　参考文献第14章 发育活化和应激诱导的非编码黑腹果蝇hsrw基因整合其他核转录物的翻译后加工　14.0 摘要　14.1 引言　14.2 果蝇中93D或入hsrw基因表现出独特和保守的可诱导性，但显然不产生蛋白质　14.3 果蝇中入hsrw基因具有独特的保守结构，却很少有碱基序列保守　14.4 hsrw基因产生多个非编码转录物　14.5 hsrw基因在发育过程中广泛表达　14.6 hsrw基因启动子区是复合体　14.7 尽管是非编码转录物，hsrw是有功能的　14.8 hsrw转录物的功能　14.9 未来展望　致谢　参考文献第15章 adapt基因的RNA转录物作为核糖核酸调节子　15.0 摘要　15.1 背景　15.2 adapt15和adapt33的鉴定　15.3 adapt15和adapt33的作用机制　15.4 结语　参考文献第16章 显性非编码微卫星扩展紊乱中RNA的致病机制　16.0 摘要　16.1 引言　16.2 Ⅰ型肌强直性营养不良：基因的发现和致病模型的提出　16.3 8型脊髓小脑共济失调　16.4 10型脊髓小脑共济失调　16.5 DM1、SCA8和SCA10之间临床和分子上的差别　16.6 Ⅱ型肌强直性营养不良　16.7 肌强直性营养不良中RNA的致病机制　16.8 其他非编码扩展失调　16.9 总结　参考文献第17章 由细菌染色体编码的非编码RNA　17.0 摘要　17.1 概述　17.2 引言　17.3 持家sRNA　17.4 调控的反义RNA进入两种境地　17.5 反式编码的反义RNA MicF是一个应激反应

的调控因子　17.6 sRNA可以调控多个基因　17.7 一个调控RNA——两个(或多个)靶RNA　17.8 多个RNA作用于同一个靶　17.9 sRNA的另一个作用：破坏同一个操纵子下的基因协调表达　17.10 某些sRNA需要辅助蛋白　17.11 例外(？
)：E.coli染色体顺式编码反义RNA　17.12 通过sRNA和蛋白质间相互作用调控基因表达　17.13 sRNA的结构　17.14 细胞中稳定或不稳定？
　17.15 初级或加工后转录本　17.16 新sRNA的作用是什么？
　17.17 通过什么样的机制发挥作用？
　17.18 有多少个sRNA？
　17.19 结论　致谢　参考文献第18章 我们数量众多：非编码调节RNA和Hfq　18.0 摘要　18.1 非编码RNA　18.2 非编码RNA在革兰阴性菌中的功能　18.3 革兰阳性细菌中非编码RNA　18.4 调节调节子。
ncRNA如何被调节？
　18.5 RNA结合蛋白Hfq与ncRNA　18.6 Hfq的功能如何？
　18.7 Hfq如何与RNA相互作用？
　18.8 结论　致谢　参考文献中西文对照索引

章节摘录

第1章　核糖核酸调节概述　　1.1　引言　　生物体重要的功能之一是基因表达的调节。
研究特异基因转录物的调节机制是了解环境改变、发育及疾病所致的生物学现象改变的关键因素。
基因表达的调节模式异常复杂且极其多样，然而对于每一个特定的基因都有各自特定的信号决定其表达的开启和关闭及表达产物量的多少。
无论是为了适应新环境还是适应生物进化所需的基因调节都具有很强的灵活性。
早期的观点认为生物系统都是遵循着1958年Francis Crick提出的“分子生物学中心法则”　(central dogma of molecular biology)。
中心法则讲述了储存在DNA中的遗传信息表达的一般性的通路，DNA转录生成瞬时的信使RNA并在核糖体中在适体RNA(tRNA)的帮助下翻译生成细胞生命活动所需的酶蛋白和各种结构功能蛋白质。
因此，核糖核酸被看作是执行基本附属功能的分子，而且许多蛋白质编码的基因定义了生物体的复杂性。
基因作为DNA上的一段序列，编码蛋白质遵循着一个基因一种蛋白质(多肽)的原则。
在后来的研究中发现除了编码蛋白质的序列(外显子)之外，基因还包括非翻译的部分(内含子)，而内含子在剪接加工过程中被去除而不存在于初级转录物之中。
许多例证都表明，可变剪接使得同一个基因转录物可以加工生成不同的蛋白质。
一个重要的突破点是研究发现一些小的RNA分子可以行使催化的功能。
核糖核酸酶P的RNA和自我剪接内含子能够在蛋白质缺失的情况下介导复合体化学反应和RNA成熟。
此后，应运而生的SELEX技术就是体外选择具有催化功能结构域和配体结合特性的RNA分子的技术。
所有这些发现都有助于更好的识别RNA分子的化学特性及其所形成的复杂的三级结构，这也是行使不同功能的蛋白质之所以具有特殊结构域的基础。
此外，早期研究进展表明rRNA并不只是核糖体蛋白的结构支架，在多肽的形成和核糖体其他许多功能方面还发挥着重要功能。

编辑推荐

本书是由波兰科学院的Jan Barciszewski教授和德国自由大学的VolkerA.Erdmann教授主编的第一本全面系统阐述非编码RNA研究领域和研究进展的专著，该书从分子生物学、生物技术、生物信息学和分子医学等对非编码RNA进行了多角度的介绍，具体内容包括核糖核酸调节子概述、基于计算发现非编码RNA、microRNA、植物中的转录后基因沉默、RNA指导的DNA甲基化及染色质修饰等。
该书可供从事相关工作的人员作为参考用书使用。

第一图书网, tushu007.com

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