

<<环境分子生物学教程>>

图书基本信息

书名：<<环境分子生物学教程>>

13位ISBN编号：9787313061607

10位ISBN编号：7313061609

出版时间：2009-12

出版时间：上海交通大学出版社

作者：李永峰，那冬晨，魏志刚，等编

页数：406

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>

<<环境分子生物学教程>>

前言

环境是人类赖以生存和发展的物质条件的综合体,包括自然环境和社会环境。

自然环境是直接或间接影响到人类的一切自然形成的物质及其能量的总体。

在我们生存的自然环境中生活着各种各样的微生物,这些环境微生物在自然界的物质循环中起着关键的作用。

它们通过对环境中各种有机物质、无机物质的分解利用,完成了自身生长繁衍与进化的任务,同时降解了人类活动所产生的废弃物和有机污染物,维持了自然生态系统的相对平衡,保护了人类的居住环境。

随着工业、交通和城市建设的飞速发展,人类的生存环境发生了巨大变化,一方面创造了前所未有的物质文明,另一方面产生了日益尖锐的环境问题。

环境科学越来越被人们所重视。

环境分子生物学作为环境科学与分子生物学的交叉学科,是从分子水平对自然环境的生物因素,特别是环境微生物进行研究。

通过研究我们可以了解环境中的微生物种类、微生物之间的关系以及微生物与生境的相互作用,从而对环境做出评价,预测环境的变化趋势。

此外还可以通过对环境微生物的研究发现对人类有价值的新的基因资源,开发其潜在的应用价值。

环境分子生物学是一门新兴的学科,为了让学生及有关读者能循序渐进地了解环境微生物研究技术,我们综合了分子生物学、环境微生物学及相关教材和专著,结合编者的科学研究和教学实践,在广泛查阅国内外有关资料的基础上编写了本书。

<<环境分子生物学教程>>

内容概要

《环境分子生物学教程》分为上下两篇，上篇为分子生物学基础，包括核酸的组成与结构、基因与基因组、DNA复制、基因的转录、蛋白质的生物合成和基因表达调控等六章。下篇为环境微生物研究技术，包括基因克隆与DNA分析、测序与诱变、基因转移、环境微生物的分子分类、环境微生物多样性分析、环境微生物基因组和蛋白质组分析及环境微生物群落结构和动态研究等七章。

《环境分子生物学教程》适合作为环境科学、环境工程等相关专业的本科教学用书，也可作为环境保护和环境监测等相关工作人员的参考材料。

<<环境分子生物学教程>>

书籍目录

上篇 分子生物学基础1 核酸的组成与结构1.1 核酸的种类及组成1.2 DNA的结构1.3 RNA种类及结构1.4 核酸的紫外光吸收特性2 基因与基因组2.1 概述2.2 原核生物基因与基因组2.3 噬菌体与病毒基因组2.4 真核生物基因与基因组3 DNA复制3.1 DNA复制体系3.2 DNA复制特点3.3 原核生物DNA复制3.4 真核生物DNA复制3.5 DNA复制修复4 基因的转录4.1 基因转录的理论基础4.2 转录过程4.3 初始转录本的加工与转录后调节5 蛋白质的生物合成5.1 遗传密码5.2 核糖体5.3 与蛋白质合成有关的辅助因子5.4 蛋白质的合成过程5.5 蛋白质修饰6 基因表达调控6.1 原核生物基因表达调控6.2 真核生物基因表达调控下篇 环境微生物研究技术7 基因克隆与DNA分析7.1 基因克隆7.2 DNA分析及其应用8 测序与诱变8.1 测序8.2 诱变9 基因转移9.1 基因自然转移9.2 基因自然转移的类型9.3 细菌的自然基因转移9.4 细菌与真核生物间自然基因转移9.5 真核生物细胞间的自然基因转移9.6 人为的基因转移——基因工程9.7 生态与进化安全保障10 环境微生物的分子分类10.1 微生物的分类系统10.2 DNA组成分析10.3 DNA-DNA分子杂交技术10.4 16S rRNA序列分析技术10.5 rDNA转录间隔区序列分析技术10.6 分子系统发育进化树的构建11 环境微生物多样性分析11.1 RFLP在环境微生物检测中的应用11.2 随机扩增多态性DNA技术及应用11.3 DNA单链构象多态(SSCP)技术11.4 扩增的限制性片段长度多态性(AFLP)技术11.5 环境微生物多样性分析的其他分子标记技术12 环境微生物基因组和蛋白质组分析12.1 环境微生物基因组分析12.2 嗜盐古细菌sp.NRC-1基因组概述12.3 嗜热自养甲烷杆菌 H菌株基因组概述12.4 詹氏甲烷球菌12.5 闪烁古生球菌12.6 环境群体微生物基因组的比较分析12.7 环境微生物的大规模蛋白质分离技术12.8 高通量蛋白质鉴定技术12.9 环境微生物蛋白质组学13 环境微生物群落结构和动态研究13.1 FISH技术的应用13.2 DGGE技术的应用13.3 SSCP分析技术的应用

章节摘录

DNA超螺旋有两种形式，即双链闭合环状DNA形成的超螺旋和螺线管式超螺旋。

尽管线状DNA和环状DNA在体内都可形成超螺旋，但由于条件所限，在分离制备DNA分子的过程中，因无法将线性DNA的两端固定，所得到的DNA内部张力已经释放，无法得到天然状态的线状DNA分子的超螺旋结构；环状DNA在体外容易保留超螺旋状态，所以常用来研究DNA超螺旋结构的性质。

真核生物DNA与组蛋白八聚体形成核小体结构，同样也存在着负超螺旋，但这种负超螺旋与在溶液中的负超螺旋的存在形式不同，手性也不相同。

2. DNA拓扑异构酶 细胞内DNA的超螺旋状态是被精确调节的，每个细胞内都含有使DNA产生超螺旋的酶类，这些酶被称为DNA拓扑异构酶（DNA topoisomerases）。

DNA超螺旋的产生都是DNA拓扑异构酶作用的结果。

在原核生物中，负超螺旋主要由DNA旋转酶（DNA gyrase）引入到双链闭合环状的DNA分子中，这一过程需要水解ATP提供能量。

真核生物中，DNA的负超螺旋主要是由染色质的结构造成的，因为DNA在组蛋白八聚体外面缠绕的方向有利于DNA向松弛的方向转变。

在核小体组装的过程中，也有DNA拓扑异构酶的参与。

DNA拓扑异构酶有两大类，I型拓扑异构酶和 II型拓扑异构酶。

II型拓扑异构酶对单链DNA的亲合力要比双链高得多，这也是它识别负超螺旋DNA的分子基础，因为负超螺旋DNA常常会有一些单链区，负超螺旋越高，II型拓扑异构酶的作用就越快。

I型拓扑异构酶催化DNA链的断裂和重新连接，每次只作用于一条链，催化瞬间的单链断裂，使切口的一端围绕未切割的链旋转一圈，再重新连接切口。

这类DNA拓扑异构酶每次作用改变DNA分子的拓扑连环数为1。

它们不需要能量辅因子（ATP或NAD）的存在。

II型拓扑异构酶能同时断裂并连接双股DNA链，它们通常需要能量辅因子ATP的存在，这类DNA拓扑异构酶每次作用改变的DNA分子的拓扑连环数为2。

II型拓扑异构酶又分为两个亚类，一个亚类是DNA旋转酶，主要功能是引入负超螺旋，在DNA复制中起十分重要的作用。

另一个亚类是转变超螺旋DNA成为没有超螺旋的松弛形式。

大肠杆菌的拓扑异构酶见表1—2。

<<环境分子生物学教程>>

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>