

<<结构生物学与现代药学研究>>

图书基本信息

书名：<<结构生物学与现代药学研究>>

13位ISBN编号：9787030222534

10位ISBN编号：7030222539

出版时间：2008-8

出版时间：科学出版社

作者：杨铭 编

页数：454

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>

<<结构生物学与现代药学研究>>

前言

《结构生物学与药学研究》自2003年10月问世以来，深受全国生物学领域的科学工作者、高校老师及研究生的欢迎。

承蒙大家的厚爱，这次决定修订再版。

修订的指导思想是：既要保持本书原有的特色又要与时俱进、创新发展；努力做到将科学性、知识性和实用性有机地结合在一起；力求使其成为一本有足够信息量、真正有用、受读者喜爱的好书。

本版的修订，除了纠正第一版中的一些疏漏和印刷错误以外，主要进行了以下几方面的改进：1.在本版“专论篇”中，为了体现内容的新颖性和前沿性，我们增加了三章。

新加入的第九章为G.四链体核酸的结构及其生物学功能，是对核酸结构生物学的补充；新加入的第十一章和第十二章为HIV结构生物学与药物研究，是为了弥补第一版中有关病毒结构生物学方面的不足。

同时，第十一章亦可作为基于蛋白质与核酸相互作用的一个典型研究范例；第十二章亦可作为对蛋白质结构生物学的补充。

2.在本版“方法与技术篇”中，增加了两章：生物传感技术——表面等离子共振技术（第二十五章）和高内涵筛选与高内涵分析技术（第二十七章），作为相关领域新近发展起来的前沿技术的补充。

3.考虑到更突出结构生物学的特点，将第一版原第二十三章结构生物学为基础的计算机辅助药物设计替换为第二十八章计算机辅助技术在生物大分子结构模拟与功能研究中的应用。

4.修订的同时，根据内容的需要，将书名《结构生物学与药学研究》更名为《结构生物学与现代药学研究》。

本书的编写、修订和出版得到了科学出版社的全力支持，特别是科学出版中心生物分社的负责同志及本书的责任编辑为其修订和出版做了大量的工作，在此表示感谢。

值此新版问世之际，我还要再次感谢国家自然科学基金（30670415）和北京大学985项目基金对相关研究项目的资助。

同时，特别感谢张礼和院士、王夔院士对我的帮助。

在两位院士的倡导和支持下，北京大学药学院从1998年起开设了博士生必修课——结构生物学导论。

梁栋材院士、白春礼院士、刘元方院士、李方华院士、张景强教授、王志珍院士、王大成院士、徐伟教授、王金凤教授、郑启泰教授在课程开设过程中给予了指导和帮助。

本书的撰写在一定程度上也得益于此课程的开设，得益于以上专家教授的关心和支持，在此一并表示衷心的感谢。

最后感谢全体参编人员的合作和努力。

由于时间仓促，编者水平有限，本书难免还存在疏漏、不足或错误之处。

热忱希望同行和使用本书的读者批评指正。

<<结构生物学与现代药学研究>>

内容概要

结构生物学是以生物大分子三维结构及其运动性的研究为基础，定量阐明生命现象的学科，而现代药物的合理设计大多是以结构生物学的研究成果为基础。

本书侧重于药学研究中的结构生物学问题，作为《结构生物学与药学研究》的新版，更力求反映这一领域的最新研究进展。

除了第一章绪论外，全书分为两篇：上篇为专论篇，共十五章；下篇为方法与技术篇，共十二章。

首先概述结构生物学的研究现状和发展趋势，再从分子水平上探讨主要生物大分子的三维结构与生物功能的关系及药学研究前沿领域中的一些重要科学问题，最后介绍结构生物学研究的主要方法与技术。

本书可供生命科学相关领域中从事药学基础研究的科学工作者及医药院校、科研单位的教师、科研人员及研究生等参考。

<<结构生物学与现代药学研究>>

书籍目录

再版前言 第一版前言 第一章 绪论专论篇 第二章 蛋白质的结构生物学基础 第三章 以蛋白酶为靶的合理药物设计 第四章 受体结构生物学与药物设计 第五章 微管蛋白的结构与功能 第六章 核酸的结构生物学基础 第七章 调控性核酸——反义核酸的结构与功能 第八章 酶性核酸的结构及其生物学意义 第九章 G-四链体核酸的结构及其生物学功能 第十章 核酸与蛋白质的相互作用 第十一章 基于HIV结构生物学的药物研究之一 第十二章 基于HIV结构生物学的药物研究之二 第十三章 小分子药物对核酸三维结构的识别 第十四章 模拟DNA结构与复制的分子自组装 第十五章 生物膜的结构生物学 第十六章 糖的结构、功能与糖及其模拟物的组合合成方法与技术篇 第十七章 核磁共振技术在研究蛋白质结构中的应用 第十八章 NMR测定溶液中蛋白质结构的计算方法 第十九章 多维核磁共振技术在研究核酸分子结构中的应用 第二十章 晶体学方法之一 第二十一章 晶体学方法之二 第二十二章 显微学方法之一 第二十三章 显微学方法之二 第二十四章 波谱学在结构生物学中的应用 第二十五章 生物传感技术——表面等离子共振技术 第二十六章 双向电泳在蛋白质研究中的应用 第二十七章 高内涵筛选与高内涵分析技术 第二十八章 计算机辅助技术在生物大分子结构模拟与功能研究中的应用

章节摘录

第三节 微管蛋白的组装动态微管蛋白在组装过程中有两种形式的动态特征，一种是发生于微管正极端的组装与去组装的动态不稳定性（dynamic instability）；另一种为正极组装与负极去组装的踏车现象（tread milling）。

早在20世纪60年代就有人开始研究微管是如何形成的。

最早的实验是用偏光显微镜观察有丝分裂纺锤体中的微管。

人们发现低温、高压或秋水仙素可使纺锤体的双折射减弱，表明微管结构遭到了破坏；而温度回升、低压及去除秋水仙素后，纺锤体又自动形成。

这种快速的恢复过程甚至在蛋白合成抑制剂存在时也能出现，说明微管的聚合不需要新的微管蛋白合成。

因此，人们认为微管是微管蛋白的多聚体，这些多聚体与未聚合的微管蛋白之间存在动态平衡。

这种平衡的改变调节着微管的聚合与解聚，而微管蛋白的合成与降解同微管聚合与解聚无关。

20世纪70年代，体外研究模型已用于微管聚合与解聚的研究。

人们发现细胞提取物在37℃、无Ca²⁺加入GTP的条件下，微管可自发形成。

此后又有证据表明另一类蛋白质也参与微管聚合，包括Tau和微管相关蛋白质两类，它们只占微管蛋白总量的10%~15%。

当温度降低微管解聚时，可发现两种类型的微管蛋白。

一类是和微管蛋白二聚体，另一类是较大的环状或螺旋状微管蛋白聚合物。

分离的环状结构能在温度升高时迅速掺入微管，而和微管蛋白二聚体则必须在环状结构或微管片段存在下，以其作为聚合起点才能加入到微管。

后续的研究还表明分离的环状结构内含有微管相关蛋白质，而二聚体内则没有。

由此可见微管相关蛋白质是微管二聚体向环状结构多聚体转化所必需的，而后者是微管聚合的中间体。

显微照相发现，在微管解聚时，原丝相互分离，其末端往往弯曲形成卷曲状特别是产生类似环状的结构；反之，当微管聚合时，原丝似乎又是由展开的环状结构聚合而成。

因此，微管聚合包括微管蛋白环状结构展开形成原丝，原丝再平行排列形成片状。

当原丝数量达13时，片状原丝合拢成管。

这一过程完成后，微管蛋白二聚体再加于微管末端，使微管不断加长（图5-3）。

荧光标记微管蛋白微注射可直接观察细胞内微管蛋白的动态变化。

实验发现，在任意时刻，一些微管在增长，而另一些则在缩短。

如果长时间观察单根微管会发现微管的生长与缩短也是随机的。

由于微管缩短发生快于其增长，许多微管最终从细胞消失，而被自微管蛋白组织中心生发出来的新微管所替代。

微管的这种在增长与缩短两个时相之间所出现的延伸与退缩现象称之为微管动力学不稳定性。

这一特性导致了微管蛋白二聚体与多聚体的交换。

微管蛋白二聚体加入微管末端是单向性的，即从微管蛋白组织中心向外延伸加长。

以后的研究还发现解聚也可发生于微管聚合的另一端。

<<结构生物学与现代药学研究>>

编辑推荐

《现代生物技术前沿·结构生物学与现代药学研究》由科学出版社出版。

<<结构生物学与现代药学研究>>

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>