

<<结构生物学>>

图书基本信息

书名：<<结构生物学>>

13位ISBN编号：9787030286215

10位ISBN编号：7030286219

出版时间：2010-8

出版时间：科学出版社

作者：梁毅 编

页数：301

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>>

前言

自然界许多有趣现象的发生和人类多种疾病的发病都和具体参与其中的蛋白质结构有关。

例如，光是怎样被绿色植物所“俘获”并源源不断为其生长提供能量的？

在绿色植物的体内，存在着由膜蛋白、色素分子和脂分子组成的蛋白脂质体复合物，常文瑞院士课题组运用结构生物学的方法，获得了这个“庞大”复合物的晶体结构，发现它是绿色植物俘获光能的有力武器。

又如，分子伴侣trigger factor与装配蛋白质的机器——核糖体组成巧妙的复合物，为新生肽链的折叠提供了“分子摇篮”，而该复合物的晶体结构又与我们小时候睡过的摇篮何其相似！

结构生物学是以生物大分子（包括蛋白质和核酸）的特定三维结构及结构的特定运动与其生物学功能的关系为基础来阐明生命现象的科学，是分子生物学的重要组成部分。

近年来，结构生物学兴起并逐渐发展成为分子生物学的前沿和主流，从当前发展趋势来看，很可能会成为整个生命科学的前沿和带头学科之一。

现在，生命科学的众多分支在运用结构生物学的概念和技术，随着人类基因组计划的提前完成，结构生物学研究进入了一个高潮迭起的时代。

本书以生物大分子（蛋白质、核酸）结构与功能的关系为主线，以结构生物学研究技术为基础，贯穿现代分子生物学原理，讲述结构生物学基本知识、基础理论和研究方法，比较结构生物学研究方法的优势和局限，介绍结构生物学的新成果、新进展、发展的趋势及面临的挑战。

内容涵盖绪论（第1章）、核酸结构与功能（第2~6章）、蛋白质结构与功能（第7~14章）、结构生物学研究技术（第15~23章）共4部分23章。

其中第8章由王志珍院士编写，第15章由丁怡编写、饶子和院士指导，其余章节由梁毅编写，第16章等部分章节经施蕴渝院士审阅。

核酸结构与功能部分阐明RNA和DNA的结构，揭示RNA和DNA生物学功能的大量信息，介绍人类基因组计划的基本概念和背景知识。

蛋白质结构与功能部分阐明蛋白质的结构，讲授蛋白质折叠与去折叠的基本规律和分子伴侣、第二遗传密码的基本概念，阐述蛋白质错误折叠导致疾病的分子生物学原理，示例几种蛋白质结构与功能的内在关系，介绍蛋白质组计划的基本概念和背景知识，描述蛋白质结构预测和蛋白质分子动力学的主要方法。

结构生物学研究技术系统部分介绍当前结构生物学研究的多种技术，包括X射线晶体衍射分析、核磁共振技术和电镜三维重构3种结构生物学主要研究方法，比较这些技术的优势和局限，从而使读者掌握结构生物学研究技术的基本知识。

这些知识和方法不仅是21世纪生物学研究的重要内容，而且将为医药、农业和工业的革新提供崭新的思路。

对于大学本科教育来说，本书旨在通过传授知识、培养能力和提高素质为一体的教学，使学生不仅较好地获得结构生物学知识，而且在能力和素质方面有较大提高，学习目的明确，以较好的综合素质、较高的学习兴趣、较扎实的知识基础和良好的学习状态进入以后研究生阶段的学习课程。

<<结构生物学>>

内容概要

本书以生物大分子(蛋白质、核酸)结构与功能的关系为主线,以结构生物学研究技术为基础,贯穿现代分子生物学原理,讲述结构生物学基本知识、基础理论和研究方法,比较结构生物学研究方法的优势和局限,介绍结构生物学的新成果、新进展、今后发展的趋势及面临的挑战。

内容涵盖绪论、核酸结构与功能、蛋白质结构与功能、结构生物学研究技术4部分23章。

与国内外已经出版的同类书比较,本书增加了分子伴侣、第二遗传密码、蛋白质的错误折叠与疾病、蛋白质组学和质谱技术等新章节,并增加了一些最近几年出现的新概念。

每章后有小结和思考题,全书后附有结构生物学名词索引和历年结构生物学相关领域Nobel奖获奖情况统计,以方便读者查阅。

本书可作为综合性大学、理工科大学以及农、林、医院校生命科学学院(生物系)本科高年级学生和研究生学习结构生物学的教材和参考用书,也可供有关教师及科研人员作参考。

<<结构生物学>>

书籍目录

前言第1章 绪论 1.1 结构生物学——历史与定义 1.2 结构生物学——进展 1.3 结构生物学——新目标
小结 思考题第2章 核酸结构的多样性(nucleic acid structure diversity) 2.1 单链核酸分子的结构形态 2.2
双链核酸分子的结构形态 2.3 三链核酸分子的结构形态 2.4 分支的三链核酸复合物 2.5 四链核酸分子
的结构形态 2.6 非线型多支链结构 2.7 多聚核苷酸右手螺旋：A型和B型 2.8 Z-DNA 2.9 天然DNA的
构象 小结 思考题第3章RNA的结构(the structure of RNA) 3.1 RNA和DNA的结构差异 3.2 RNA的结构
特征 3.3 RNA的一级结构 3.4 RNA的二级结构 3.5 RNA的三级结构 3.6 RNA的折叠 3.7 RNA的晶体结
构 3.8 具有催化功能的RNA 小结 思考题第4章DNA的结构(the structure of DNA) 4.1 DNA的一级结构
4.2 DNA的二级结构 4.3 DNA的三级结构 4.4 四链DNA结构 小结 思考题第5章 核酸的功能(nucleic
acid function) 5.1 核酸分子作为遗传信息载体的功能 5.2 核酶 小结 思考题第6章 基因组学(genomics)
6.1 人类基因组计划 6.2 基因组的初步分析 6.3 基因组研究的部分内容 6.4 基因组学研究的前景 6.5
结构基因组学(Structural genomics) 小结 思考题第7章 蛋白质分子的结构(the structures of proteins) 7.1
蛋白质分子的一级结构(primary structure) 7.2 蛋白质分子的二级结构(secondary structure) 7.3 蛋白质分
子的三级结构(tertiary structure) 7.4 蛋白质分子的四级结构(quaternary structure) 小结 思考题第8章 蛋白
质折叠和分子伴侣(protein folding and molecular chaperones) 8.1 蛋白质和新生肽链折叠的新概念 8.2 帮
助蛋白质和新生肽链折叠的生物大分子 小结 思考题第9章 第二遗传密码(the second genetic code) 9.1
第一遗传密码 9.2 第二遗传密码 9.3 第二遗传密码的研究在实际应用上的意义 小结 思考题第10章 蛋
白质的错误折叠与疾病(protein misfolding and diseases) 10.1 细胞内保证蛋白质正常功能的“质量控制”
系统 10.2 与蛋白质错误折叠有关的疾病 10.3 如何治疗由于蛋白质错误折叠引起的疾病 小结 思考题
第11章 蛋白质去折叠(protein unfolding) 11.1 主要研究手段 11.2 促使蛋白质去折叠常用的方法 11.3 蛋
白质去折叠研究进展 11.4 质谱法、荧光相图法在研究蛋白质去折叠中的应用 小结 思考题第12章 蛋
白质结构与功能示例(structures and functions of proteins : some examples) 12.1 超氧化物歧化酶 12.2 ATP
合成酶 12.3 DNA依赖的蛋白激酶 小结 思考题第13章 蛋白质组学(proteomics) 13.1 后基因组学——蛋
白质组学研究 13.2 蛋白质组学研究的主要手段 13.3 自动化蛋白质组分析的完整途径 13.4 蛋白质组学
研究的现状和前景 小结 思考题第14章 蛋白质结构预测和分子动力学模拟(protein structure prediction
and molecular dynamics simulations) 14.1 蛋白质分子结构的预测 14.2 蛋白质二级结构的预测 14.3 蛋白
质三维结构的预测 14.4 蛋白质分子动力学 14.5 蛋白质结构预测实例 14.6 蛋白质结构预测的展望 小
结 思考题第15章 X射线晶体衍射分析(Protein crystallography , X-ray diffraction methods) 15.1 X射线晶体
衍射分析概述 15.2 晶体生长和X射线衍射数据收集 15.3 X射线衍射分析 15.4 X射线衍射结构分析举例
15.5 晶体结构的表达 小结 思考题第16章 核磁共振技术(nuclear magnetic resonance , NMR) 16.1 原子
核自旋与核磁共振 16.2 多维核磁共振 16.3 核磁共振测定生物大分子的三维结构 小结 思考题第17章
电镜三维重构(electron microscopy three-dimensional structure rebuilding) 17.1 电镜载网 17.2 负染 17.3 葡
萄糖包埋 17.4 单宁酸包埋 17.5 冷冻含水方法 17.6 低剂量电镜术 17.7 三维结构重建的梗概 小结 思
考题第18章 质谱技术(mass spectrometry) 18.1 生物质谱技术 18.2 生物质谱技术应用示例 小结 思考题
第19章 微量热技术(microcalorimetry) 19.1 等温滴定量热法(isothermal titration calorimetry , ITC) 19.2
ITC应用示例 19.3 差示扫描量热法 小结 思考题第20章 荧光光谱技术(fluorescence spectrometry) 20.1
荧光的产生 20.2 从荧光光谱获得的主要谱参量 20.3 荧光方法的应用 小结 思考题第21章 圆二色技
术(circular dichroism) 21.1 基本原理 21.2 圆二色仪 21.3 圆二色谱在结构生物学研究中的应用 小结 思
考题第22章 扫描隧道显微技术(scanning tunneling microscopy) 22.1 扫描隧道显微镜 22.2 STM应用于研
究结构生物学的优点 22.3 STM在结构生物学研究中的应用 22.4 原子力显微技术 小结 思考题第23章
表面等离子体共振技术(surface plasmon resonance) 23.1 SPR原理 23.2 基于SPR的BIAcore技术 23.3 SPR
生物传感器技术的应用 23.4 SPR生物传感器技术中存在的一些问题 23.5 SPR生物传感器的改进 小结
思考题主要参考文献结构生物学相关领域Nobel奖历年获奖情况统计名词索引彩图

<<结构生物学>>

章节摘录

结构生物学一直是分子生物学的重要组成部分，只是近年来才飞速发展成为分子生物学的前沿和主流，并且从当前发展趋势来看，很可能成为整个生命科学的前沿和带头学科之一。

神经生物学和细胞生物学之所以出现今天这样蓬勃的局面，完全是因为注入了结构生物学这一新鲜血液。

生物膜与细胞内跨膜信息传递，基因结构与基因调控，生物能的产生、传递和作用，神经网络的结构功能，直至感觉、学习、记忆这种最高级的生命运动形式都需要、也只有结构生物学水平上的研究才可能最终阐明它们的本质。

离子通道和神经递质受体结构研究已给神经生物学带来了全新的面貌，作为现代生物学热点的神经生物学已经不是传统的神经生物学，而是建立在分子生物学，特别是结构生物学基础上的神经生物学了。

一切生命活动，如生长、运动、呼吸、免疫、消化、光合作用，以及对外界环境变化的感觉并作出必要的反应等，都必须依靠蛋白质来实现。

每一种蛋白质都有它自己特定的氨基酸序列和特定的三维结构。

20世纪50年代中期，胰岛素分子的氨基酸序列及二硫键连接方式的阐明，是蛋白质一级结构测定的开始。

半个多世纪来氨基酸序列被测定的蛋白质已超过40万个。

即使肽链的氨基酸序列不变，只要三维结构被破坏，就会导致蛋白质功能的丧失。

蛋白质在肽链保持完整条件下三维结构的破坏称为蛋白质的变性。

这一概念是我国科学家吴宪教授在20世纪30年代初根据他在国内的工作首先提出来的，长期以来被国际上广泛接受。

X射线晶体衍射目前仍然是蛋白质三维结构测定的主要方法（图1-1）。

美国蛋白质数据库存人的晶体结构，现在已超过50000个，晶体结构测定的速度目前已达到平均每天10个结构的水平。

几乎每一个重要蛋白质高分辨率结构的测定，都从分子水平上阐明了一项基本生命现象；但是这些结构已被测定的蛋白质，只不过是自然界数以百万计的蛋白质中的微不足道的部分。

在结构生物学领域内，近20年来发展起来的二维和三维核磁共振方法（图1-1）已经显示了它对蛋白质在溶液中的三维结构和运动状态方面研究的优势，现已解出了7000多个较小蛋白质的结构，也许在不远的将来它会为生物大分子三维结构测定带来又一次突破。

结构与功能关系的研究，一直是蛋白质研究的核心问题之一。

现在，体外基因突变技术，特别是定点突变的发明，可以任意改变蛋白质分子中的氨基酸残基，以观察其对生物学功能的影响。

<<结构生物学>>

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>