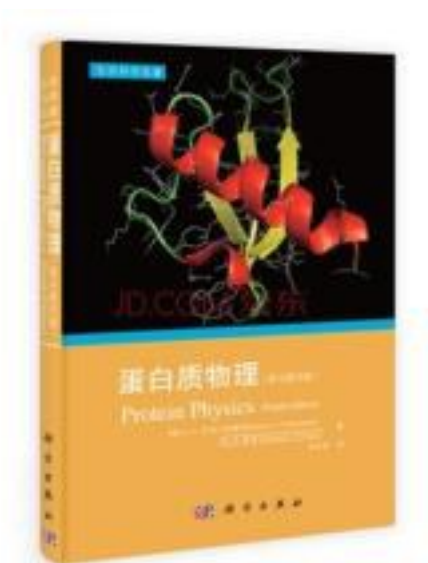


蛋白质物理



[蛋白质物理_下载链接1](#)

著者:[俄]Alexei V Finkelstein

出版者:科学出版社

出版时间:2013-6-1

装帧:平装

isbn:9787030376985

《蛋白质物理》是一部蛋白质物理学研究领域的系统性著作，由享誉世界的俄罗斯科学家A.V.芬克尔施泰因和O.B.普季岑根据其为俄罗斯科学院和莫斯科大学的学生讲授蛋白质物理课程时的讲义撰写而成，具有很高的理论和学术价值。《蛋白质物理》内容广泛，包括了蛋白质的结构分类、变性与折叠、结构预测与设计等几个部分，其主旨是以物理学（特别是统计物理和热力学）的观点和方法来研究与蛋白质相关的问题。《蛋白质物理》循序渐进，深入浅出，不仅以通俗易懂的语言和简繁适当的数学估算介绍了与蛋白质相关的基础问题，而且对本领域中的重点研究问题都高屋建瓴地予以严谨的分析和讨论，在研究思想上有很强的指导性和启发性。《蛋白质物理》英文版已在美、英、德等国多所大学采用为相关课程的教材。

作者介绍:

A. V. 芬克尔施泰因 (Alexei V Finkelstein) 和 O. B. 普季岑 (Oleg B Ptitsyn)，俄罗斯科学家是世界著名的从事蛋白质物理研究的俄罗斯科学院院士，他们在某些领域特别是关于蛋白质折叠的工作，非常卓越，例如，蛋白质结构 SCOP 分类法、“熔球”概念和“穿线法”方法最初都是由他们及其学生提出来的。

目录: 中文版序

前言 (第三版俄文版)

序 (第二版英文版)

前言 (第一版俄文版)

绪论

第1讲

蛋白质的主要功能。氨基酸序列决定空间结构，空间结构决定功能。反之不然。球状蛋白，纤维蛋白和膜蛋白。蛋白质的一级、二级、三级和四级结构。蛋白质的生物合成。蛋白质在体内 (in vivo) 和在体外 (in vitro) 时的折叠。翻译后修饰

蛋白质内部和周围环境的基本相互作用

第2讲

L型氨基酸残基的立体化学。共价键连接和它们之间的角度。共价键的振动。围绕共价键的转动。肽基团。顺式 (trans) 和反式 (cis) 脯氨酸 (Pro)

第3讲

范德华相互作用：远距时吸引，近距时排斥。氨基酸残基的允许构象 (甘氨酸、丙氨酸、缬氨酸和脯氨酸的拉氏图)

第4讲

水环境的影响。氢键。氢键的电本性。氢键的能量。氢键在晶体中的几何形状。氢键在水中的松弛。熵和自由能的概念。肽链中的氢键取代了该链与水的氢键结合；结果使得肽链中的氢键获得了 (在水环境中) 熵性质

第5讲 (两倍)

热力学基础。自由能与化学势。疏水作用。它们与氢键在水中的饱和必然性的联系。氨基酸的水可及非极性表面及其疏水性

第6讲 (两倍)

水环境对静电相互作用的影响。蛋白质表面和内部的静电场。介电系数。盐溶液中的电荷屏蔽。利用蛋白质工程测量蛋白质中的电场。二硫键。配位键

多肽链的二级结构

第7讲

多肽的二级结构。螺旋：27, 310, α , π , poly (Pro)

II. 反平行和平行 β 结构, β 转折。测定二级结构的实验方法

第8讲

统计物理原理。温度与能量和熵变化的关系。不同能量状态的概率 (玻尔兹曼吉布斯分布)。配分函数及其与自由能的关系。构象转变。一级相变 (“全或无”转变) 和非相变的概念。构象转变过程克服自由能垒的内能。绝对反应速度理论的概念。并行过程和串行过程。扩散过程的特征速度

第9讲

α 螺旋初始化和延长的自由能。朗道理论与螺旋-线团转变的非相变性。螺旋-线团转变中的协同区段的尺寸。 α 螺旋在水中的稳定性。 β 结构在水中的稳定性。 α 螺旋和 β 结构的形成速度。“线团”是什么？

第10讲

氨基酸残基侧链基团的性质。氨基酸残基参与到二级结构中。丙氨酸 (Ala)、甘氨酸 (Gly)、脯氨酸 (Pro)、缬氨酸 (Val)。非极性的、短极性和长极性的侧链基团。

带电侧链基团。蛋白质二级结构的疏水性表面

蛋白质的空间结构

第11讲

纤维蛋白，其功能和周期性一级与二级结构； α 角蛋白， β 丝蛋白，胶原。长 α 螺旋和宽 β 片的拼装。形成基质的蛋白质；弹性蛋白。蛋白质遗传缺陷与疾病。淀粉样纤维

第12讲

膜蛋白，它们的结构与功能的特性。细菌视紫红质，受体和G蛋白，孔蛋白。光合作用中心。膜通道的选择通透性。光合作用中心的工作方式。隧道效应的概念。光子构象相互作用的概念

第13讲

球蛋白。蛋白质球结构的简化表示；结构分类。 β 型蛋白质的结构： β 折叠片，它们的纵向和垂直正交拼装。 β 蛋白质中反平行结构占优势。折叠片右手扭转。 β 蛋白质的拓扑结构

• xii

第14讲

α 型蛋白质的构造。螺旋束和螺旋层。 α 螺旋构成的准球模型。 α 螺旋接触下的紧凑拼装。 α/β 型蛋白质构造： α 螺旋覆盖的平行 β 折叠片，以及 α/β 圆筒。 β - α - β 亚基的拓扑结构。 $\alpha+\beta$ 型蛋白质的构造。蛋白质的架构与其功能之间并无直接联系

第15讲

蛋白质结构的分类。未观察到蛋白质链折叠的“宏观进化”，虽然观察到了它们的“微观进化”。基因复制与专一化。域混合产生的进化。“标准的”三级结构。氨基酸在球状蛋白一级结构中的“准随机”交替的典型性，与纤维蛋白的周期性结构和膜蛋白的块状结构的对比。蛋白质球体构造的物理原理。在蛋白质球体结构中观察到的基本规律：存在单独的 α 和 β 层；罕见有环线的交叠；罕见有沿链相邻结构片段的平行；罕见有左 β - α - β 超螺旋。结构中很少存在“能量缺陷”和“熵缺陷”，这些“缺陷”与能使“缺陷”稳定的蛋白质序列的相对罕见性之间的关系。多数原则

第16讲

对随机和准随机氨基酸序列，可以期望有哪种二级结构？准随机长序列的稳定空间结构的域构造最有可能。蛋白质结构细节的准玻尔兹曼统计。准玻尔兹曼统计来自于对稳定的蛋白质结构的物理性选择。结构元件的稳定性对球状蛋白未破坏的空间结构的一级结构的选择严格性的影响，或者说：为什么一种蛋白质结构经常出现，而其他的很罕见，在大蛋白质球中心哪一种结构， α 或 β ，更值得期待？“熵性缺陷”与“能量缺陷”之间的联系。球状蛋白是作为“中选”的随机肽链而出现的吗？蛋白质工程中“蛋白质有利的”随机序列的选择

蛋白质分子中的协同转变

第17讲（两倍）

蛋白质的变性。天然解折叠的蛋白质。协同转变。蛋白质变性的可逆性。球状蛋白的变性是“全或无”型转变。“全或无”型转变的范特霍夫（Vant Hoff）判据。热变性和冷变性。蛋白质分子的相状态图。变性蛋白质看上去怎么样？线团与熔球。熔球的不均匀性。“普通”高分子聚合物球体膨胀时不存在“全或无”型的相变

第18讲

为什么球状蛋白的变性是“全或无”型转变？蛋白质核心的紧凑拼装包的解体和侧链基团的解放。溶剂渗入到变性蛋白质中，熔球的破坏，变性蛋白质链随着溶剂力的增强而解折叠。蛋白质链的自然折叠与它的其他球状折叠之间的能隙：蛋白质链与随机高分子同聚物的主要物理差别。“中选的”高分子杂聚物（有能隙）与随机高分子共聚物在熔化时的差别

• xiii

第19讲

蛋白质结构在体内（in vivo）和在体外（in vitro）的形成。在体内自动折叠中的辅助机制：共翻译折叠，分子伴侣及其他。自发的自动折叠在体外有可能。“Levinthal佯谬”。非细胞系统中的蛋白质折叠实验，以及关于单词“在体外（in vitro）”的不同理解。蛋白质自动折叠的分级机制。许多蛋白质中发现了亚稳的（积聚的）折叠中间体。熔球——通常（但并非必须）在天然条件下观察到的蛋白质折叠中间体。某些蛋白质的最简单（单步骤）折叠，没有任何积聚的亚稳中间体。膜蛋白的自动折叠

第20讲

小蛋白质的单步骤折叠。过渡态理论。在实验上寻找和研究蛋白质折叠中的不稳定过渡态。天然蛋白质结构的折叠核。蛋白质工程上用体外方法对它们的实验观察。蛋白质折

叠的成核机制

第21讲

“Levinthal佯谬”的解决：快速折叠路径网络自动引导肽链达到稳定结构。为此必需的只是在肽链的天然折叠和其他球状折叠之间存在明显的能隙。对几种蛋白质[塞尔平（serpins）和普利昂（prion）]中形成稳定结构异常慢速的讨论。蛋白质“能景”的概念。

蛋白质结构：自组织物理学和自组织链的自然选择

蛋白质结构的预测与设计

第22讲

根据氨基酸序列预测蛋白质结构的需求。根据序列同源性对蛋白质结构和功能的“识别”。蛋白质家族的一级结构谱（profile）。蛋白质结构的关键区域和功能位点。蛋白质链的稳定空间结构的释出。蛋白质结构的“模板”。我们总是被迫根据作用于链中的部分相互作用判断预测得的蛋白质结构。结果：概率性预测。使多肽二级结构稳定和破坏的相互作用。非球状多肽的二级结构的计算。蛋白质二级结构的预测

第23讲

根据氨基酸序列预测蛋白质空间结构的方法概述。蛋白质结构数据库。远同源链的通用折叠预测降低了蛋白质结构识别中的不确定性。结构基因组学和蛋白质组学。生物信息学。蛋白质工程和蛋白质设计。蛋白质结构设计中的初步成功

• xiv

蛋白质功能的物理学原理

第24讲（两倍）

蛋白质功能与结构。基本功能。结合蛋白：DNA结合蛋白，免疫球蛋白。酶。活性中心：球形酶功能的“缺陷”。蛋白质的硬度对基本酶功能很重要。催化和底物结合中心。抑制作用。辅因子。多价离子。酶催化的机制。例子：丝氨酸蛋白酶。催化中的过渡态理论及蛋白质工程方法对其的证明。抗体酶。催化作用的特异性。“钥匙锁”概念

第25讲

功能的组合。底物从一个活性中心到另一个活性中心的转移。“双层筛”增加功能特异性。蛋白质结构对它的基本酶活性的相对独立性。蛋白质结构与其环境的可见联系。蛋白质基本功能与其结构的匹配。诱导契合。蛋白质域的活动性。蛋白质域在进化中的移动。域结构：激酶，脱氢酶。变构：阳离子中心的相互作用。蛋白质功能的变构调节。变构与蛋白质四级结构。血红蛋白与肌红蛋白。肌肉收缩机制。肌丝行走

后记

译后记

推荐文献

练习、解答与评注

索引

彩色立体插图

• • • • • (收起)

[蛋白质物理_下载链接1](#)

标签

生物

物理

化学

蛋白質組學

生命科学名著

生物物理学

生物,物理

评论

[蛋白质物理_下载链接1](#)

书评

[蛋白质物理_下载链接1](#)