第一图书网, tushu007.com

<<蛋白质相互作用及亚细胞定位原理与>>

图书基本信息

书名：<<蛋白质相互作用及亚细胞定位原理与技术>>

13位ISBN编号：9787811361919

10位ISBN编号：7811361914

出版时间：2010-1

出版时间：中国协和医科大学出版社

作者：龚燕华，彭小忠　主编

页数：288

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

本书汇总了具有多年生物学实验室工作经验的研究人员在蛋白质相互作用研究方面的经验和心得体会，同时注重吸收借鉴了国际上相关领域最新的进展。
　本书从蛋白质相互作用的基本理论开始，到各种经典的蛋白质相互作用的鉴定技术，再到生物信息学的应用，内容涵盖了当前国际上蛋白质相互作用研究领域的各个方面。
书中每个章节的基本内容都包括：引言、原理、实验材料、详细步骤、结果分析(实例)、注意要点、疑难分析解答、参考文献。
本书编者力求做到深入浅出，让书稿对实验具有实际指导意义。
本书的出版能对国内的研究人员在蛋白质功能研究方面做出有益的指导。

书籍目录

第一部分 蛋白质相互作用概论 第一章 蛋白质与蛋白质相互作用的结构基础 第二章 蛋白质相互作用的定量分析第二部分 实验方法 第三章 酵母双杂交系统筛选和验证蛋白质相互作用 第四章 细菌双杂交技术 第五章 哺乳动物双杂交 第六章 噬菌体展示技术 第七章 GST沉降实验 第八章 免疫共沉淀(Co-IP)实验 第九章 Far-Westem blotting实验 第十章 蛋白质化学交联 第十一章 串联亲和纯化 第十二章 双向凝胶电泳分析蛋白质复合物 第十三章 用于质谱分析的凝胶分离相互作用蛋白质的样品准备 第十四章 激光共聚焦技术在蛋白质亚细胞定位与蛋白质相互作用中的应用第三部分 生物信息学在蛋白质相互作用研究中的应用 第十五章 利用计算生物学的方法进行全基因组水平的蛋白质相互作用分析 第十六章 蛋白质相互作用生物信息学检索与预测 第十七章 常用互联网蛋白相互作用数据库资源的使用

章节摘录

一、引言　　随着基因组学、蛋白质组学时代的到来以及对大分子的研究不断深入，我们开始更深入地解释和揭示生命的奥秘。
研究人员可以通过实验手段得到几种类型蛋白质与蛋白质相互作用的结构模式，蛋白质晶体结构的研究表明蛋白质相互作用存在着很大的复杂性和多变性。
与此相衬，蛋白质结构解析的手段在某些方面已经不能满足要求，现在研究的发展需要对成批量的蛋白质，特别是对蛋白质复合体相互之间的作用模式进行结晶和结构的解析。
以前，蛋白质复合物的三维结构仅限于抗原抗体复合物的结构，以及蛋白酶和抑制剂复合物的晶体结构，对于在生物体内更复杂的信号分子传导途径中的蛋白质的相互作用以及它们的晶体结构则研究相对较少。
随着近年来研究的深入，对这方面开始有一些初步的研究。
目前，结构研究比较普遍的有两类蛋白质复合物，一类是结构域－结构域复合物（domain－domain），即两个预先折叠好的结构域相互作用形成个复合物；另一类是结构域－蛋白质复合物（domain-protein），这类复合物中的一个组分在游离的状态下是线性分子。
　　人们关于蛋白质与蛋白质相互作用结构基础的了解，一方面来自通过实验手段对这些复合物晶体结构进行解析，明确其相互作用的结构基础；另一方面则来自于理论上的计算和推测，通过对多数蛋白质的疏水性、可接近的蛋白质表面大小、形状以及氨基酸残基特性等结构特点，对蛋白质复合物组分的内部、表面和相互作用的界面这些结构特征进行分析总结，推论相互作用蛋白质表面的一些规律性的特征，并试图通过蛋白质的疏水性去推测它们相互作用的位点。
　　本章将从总体水乎上对蛋白质－蛋白质相互作用的结构基础进行概括性的阐述，从结构上对其相互作用的机制进行探讨。

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