第一图书网, tushu007.com

<<现代蛋白质工程实验指南>>

图书基本信息

书名：<<现代蛋白质工程实验指南>>

13位ISBN编号：9787030301222

10位ISBN编号：7030301226

出版时间：2011-3

出版时间：科学出版社

作者：（德）阿恩特　等编著，苏晓东　等译

页数：234

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

第一图书网, tushu007.com

<<现代蛋白质工程实验指南>>

内容概要

现代蛋白质工程是将分子生物学、蛋白质结构与功能分析、理论计算，以及生物化学有机结合的学科，其目标是快速及高效率地发展和改进实用的或有价值的蛋白质。
《现代蛋白质工程实验指南》分为两个部分，第一部分主要介绍了蛋白质理性设计的策略，包括理论计算方法，利用一些很有说服力的例证说明所设计蛋白质的全新特性，阐述了如何设计具有目标特性的蛋白质，并选择了很多如蛋白质一蛋白质相互作用、DNA结合、抗体模拟，以及酶活性设计等具体实例；第二部分蛋白质的定向进化技术主要介绍了包括进化?设计的一般方法、进化库质量的统计评估、核酸混编的新方法，以及不同的选择筛选策略等。
同时也给出了不同特性体外定向进化的一些实例，如蛋白质折叠类型、折叠热稳定性以及酶活性等。

《现代蛋白质工程实验指南》适合蛋白质科学各个层次的科研工作者，特别是从事相关领域研究的高年级大学生及研究生参考使用。

第一图书网, tushu007.com

<<现代蛋白质工程实验指南>>

书籍目录

译者序
前言
原作者及其单位
第一部分 蛋白质工程中的设计与计算策略
1 采用计算方法的组合式蛋白质设计策略
2 大肠杆菌中非天然氨基酸的整体掺人
3 盘绕?旋结构的设计和优化技巧
4 基于钙调素与荧光蛋白融合的钙指示剂
5 人造锌指蛋白的设计和合成
6 独体——基于纤连蛋白类型III结构域框架的抗体模拟
7 位点特异性核酸内切酶的蛋白质工程
第二部分 蛋白质工程中的进化策略
8 蛋白质库的设计和筛选——概率计算
9 基于极性与非极性氨基酸的“ 二元组图 ”进行蛋白质设计
10 利用核苷酸交换和剪切技术进行DNA碎裂和定向进化
11 简并寡核苷酸基因混编
12 M13噬菌体衣壳蛋白改造在改良噬菌体展示技术中的应用
13 核糖体失活展示系统
14 分隔式自我复制：聚合酶和其他酶的定向进化的一个新方法
15 Raf蛋白Ras结合结构域的简并进化库合成以及利用片段互补法快速筛选二氢叶酸还原酶的快速折叠且稳定的克隆
16 应用末端截切、进化、再延长技术提高酶稳定性的方法
索引

第一图书网, tushu007.com

章节摘录

1.1.3 蛋白质设计的概率性方法　　在蛋白质涉及的范围内，我们用定点氨基酸概率而不是特定的序列来描述“概率性蛋白质设计”。
相对于定向的或决定论方法，概率性方法是常用于对问题只有部分信息场合的定量科学。
对蛋白质设计，折叠过程的复杂性和不确定性促成了这样的概率性方法。
蛋白质折叠是一个复杂的动态过程，有无数的相互作用规定折叠状态。
每一个导致稳定的非共价键相互作用在大小上都是可以相互比较的，似乎没有哪一个具有压倒优势，以致于在折叠中起决定作用。
定量化这些相互作用的办法，必定是近似的（见注1）。
概率性设计方法也直接提供非常有用的序列信息，特别是在结构上重要的氨基酸。
氨基酸概率可以引导特定序列的设计，也能够凸显能容忍突变、对结构只有微小影响的位点；在几轮蛋白质设计之后，这样的位点可以成为用来改变的目标。
　　概率性方法可以以几种方式应用于蛋白质设计。
序列应该以符合计算出的概率方式生成。
首先，最直接的选择是一个共用序列，或在每一个位点用最可能的氨基酸组成的.序列。
在必要时，可以重复地计算，逐次地增加蛋白质中（已经确定的）的残基。
用这样的方法，已得到114个残基的双核金属蛋白和一个完整膜蛋白的可溶性变体。
其次，计算概率可用于引导对序列的搜索，已提出基于MonteCarlo的方法。
……

第一图书网, tushu007.com

<<现代蛋白质工程实验指南>>

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