第一图书网, tushu007.com

<<蛋白质纯化指南>>

图书基本信息

书名：<<蛋白质纯化指南>>

13位ISBN编号：9787030309341

10位ISBN编号：7030309340

出版时间：2011-5

出版时间：科学出版社

作者：（美）伯吉斯 主编

页数：851

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

<<蛋白质纯化指南>>

内容概要

《蛋白质纯化指南(原著第2版)(导读版)》的目录和前言已经译成中文，正文部分保留英文原版。
另附江南大学生物工程学院陆健教授所作精彩导读一篇。
《蛋白质纯化指南》（第一版）问世已近20年，该书在蛋白质和酶的处理、纯化及其性质研究方面，指导了众多的学生和研究人员，经过修订并更新的第二版，延续了第～版的风格，以清晰易懂的方式介绍了该领域的前沿技术和经典方法，希望能够帮助专家和初学者在其实验室建立起有效的技术手段。

《蛋白质纯化指南(原著第2版)(导读版)》特点：汇集多位工业界、医药界及相关领域的顶尖学者，研究领域跨越生物化学、遗传学、肿瘤学、药理学、皮肤医学和免疫学等多个学科。

提供该领域的有效方法和先进的分析手段。

新增章节和全面更新的部分章节多由原作者执笔。

由优秀的生化学家执笔以概述或回顾章节的形式介绍相关领域的重要背景，背景知识不局限于技术手段和机械操作过程。

第一图书网, tushu007.com

作者简介

编者：（美国）伯吉斯（Richard R.Burgess）　（美国）Murray P.Deutscher

第一图书网, tushu007.com

<<蛋白质纯化指南>>

书籍目录

撰稿人
序言
1.为什么需要纯化酶？

第一部分 建立纯化程序
2.蛋白质纯化的策略和思路
1.总体思路
2.蛋白质来源
3.提取
4.批量纯化的步骤
5.纯化的精制步骤
6.结论
参考文献
3.生物信息学在蛋白质纯化方案设计中的应用
1.从氨基酸序列中可以了解到什么
2.仍不能预测到的是什么
3.结论
参考文献
4.制作一张蛋白质纯化的汇总表
1.引言
2.脚注的重要性
3.SDS聚丙烯酰胺凝胶分析对于主要蛋白质组分的价值
4.常见的错误和问题
第二部分 处理蛋白质和酶的常规方法
5.建立一个实验室
1.支撑材料
2.分析检测的必要条件
3.蛋白质分级的必要条件
6.缓冲液：原理和操作
1.引言
2.理论
3.缓冲液的选择
4.缓冲液的准备
5.挥发性缓冲液
6.宽范围的缓冲液
7.缓冲液储备液的配制
参考文献
7.酶活的测定
1.引言
2.催化活性的原理
3.酶活性的测定
4.反应分析混合物的配方设计
5.讨论
致谢
参考文献

8.蛋白质定量
1.引言
2.准备试剂的说明
3.紫外光谱吸收方法
4.染料染色蛋白质分析
5.考马斯亮蓝蛋白质检测法（Bradford法）（范围：1-50ug）
6.Lowry检测法（Alkaline Copper还原法）（范围：5-100ug）
7.二喹啉甲酸检测法（BCA法）（范围：0.2 -50ug）
8.胺衍生法（范围：0.05-25ug）
9.基于去垢剂的荧光检测法（范围：0.02-2ug）
10.总论
致谢
参考文献
9.蛋白质浓缩和其他溶解物的去除
1.层析
2.电泳
3.透析
4.超滤
5.冷冻干燥
6.沉淀
7.结晶
参考文献
10.蛋白质稳定性的保持
1.蛋白质失活的原因
2.常规处理方法
3.浓缩和溶解条件
4.稳定性试验和储藏条件
……
第三部分 重组蛋白质的表达和纯化
第四部分 提取物和亚细胞组分的分离
第五部分 纯化步骤：批量法
第六部分 纯化步骤：层析法
第七部分 纯化步骤：亲和法
第八部分 纯化步骤：电泳法
第九部分 膜蛋白和糖蛋白的纯化程序
第十部分 纯化蛋白质的特性
第十一部分 其他技术
第十二部分 结束语
撰稿人索引
索引

章节摘录

版权页：插图：The routine preparation of protein samples for MS analysis using HPLCtechniques has driven vendors to provide their sorbents in an increasingarray of column, cartridge, and capillary formats. This in turn has permittedthe streamlining of sample preparation via the use of column switchingprocedures. In this approach a short precolumn is used to rapidly concen-trate and desalt a protein prior to a subsequent, high-resolution separationvia a longer column on the same HPLC system. As an example, PepMapmicroscale precolunms （Dionex, Sunnyvale, CA） can be used to rapidlyconcentrate and desalt protein samples over a packed bed length of only5 ram. With a choice of resins available, the efficiency ofanalyte trapping isgoverned by the choice of packing material while the reduction in samplevolume improves the resolution of the subsequent chromatography step. Inthis context, it is also worth comment that monolithic separation materialsare being increasingly employed for protein concentration and desalting（Schley et al,, 2006）.

编辑推荐

《蛋白质纯化指南(原著第2版)(导读版)》是实验室解决方案之一。

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