

<<小分子与蛋白质作用的谱学及应用>>

图书基本信息

书名：<<小分子与蛋白质作用的谱学及应用>>

13位ISBN编号：9787030339263

10位ISBN编号：7030339266

出版时间：2012-4

出版时间：何文英、舒火明、胡之德 科学出版社 (2012-04出版)

作者：胡之德 等著

页数：315

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>

<<小分子与蛋白质作用的谱学及应用>>

内容概要

《小分子与蛋白质作用的谱学及应用》阐述了药物小分子与蛋白质相互作用的研究领域中所应用的各种谱学方法及计算机化学法，其特点是既系统地介绍了这些研究方法及技术的基本原理及应用，也以研究专题的形式从分子水平介绍了药物小分子与蛋白相互作用的研究实例，图文并茂，理论和实验测定并重。

全书由两部分共十三章组成：第一部分主要介绍了几种球状模型蛋白的结构及其性质，论述了研究药物小分子与蛋白质相互作用的各种光谱学、核磁共振波谱学及计算机化学方法；第二部分介绍了黄酮类化合物、咪喃类化合物、生物碱类化合物、醌类化合物、酚类化合物、咕吨酮类化合物、聚酰亚胺类化合物与几种球状蛋白相互作用的研究成果。

书籍目录

前言第一部分 基础理论篇第1章 绪论1.1 引言1.2 小分子物质与蛋白质相互作用的研究方法概述1.2.1 蛋白质与药物小分子相互作用研究的常用方法1.2.2 蛋白质与药物小分子相互作用研究的其他方法参考文献第2章 几种球状模型蛋白的结构及其性质2.1 蛋白质的结构、功能和性质2.1.1 蛋白质在生命过程中的作用2.1.2 蛋白质的一般结构2.1.3 蛋白质的性质2.1.4 维系和稳定蛋白质高级结构的因素2.1.5 球状蛋白分子结构的一般规律2.2 血清白蛋白的结构、功能和性质2.2.1 血清白蛋白的结构2.2.2 血清白蛋白的生理功能2.2.3 人血清白蛋白的晶体结构与活性部位的确定2.3 人免疫球蛋白的结构、功能和性质2.3.1 人免疫球蛋白的基本结构2.3.2 免疫球蛋白的功能和性质2.3.3 免疫球蛋白的活性部位2.4 酶蛋白——溶菌酶的结构、功能和性质2.4.1 溶菌酶的结构和性质2.4.2 酶蛋白分子的功能2.4.3 溶菌酶的活性与活性部位参考文献第3章 光谱学3.1 光谱分析法概述3.1.1 光谱分析法基本原理3.1.2 光谱分析法的分类3.1.3 光谱分析法的特点和应用3.2 紫外可见吸收光谱法3.2.1 紫外可见吸收光谱法及其特点3.2.2 紫外可见吸收光谱的产生3.2.3 紫外可见吸收光谱测定及其表示方法3.2.4 影响紫外可见吸收光谱的主要因素3.2.5 紫外吸收光谱法在药物-蛋白质相互作用中的应用3.3 分子荧光光谱法3.3.1 荧光光谱法及其特点3.3.2 荧光光谱的产生3.3.3 荧光光谱测定及其表示方法3.3.4 影响荧光光谱的主要因素3.3.5 荧光光谱法在药物-蛋白质相互作用中的应用3.4 瑞利共振光散射技术3.4.1 瑞利共振光散射技术及其特点3.4.2 瑞利共振光散射光谱的产生3.4.3 瑞利共振光散射光谱的测定及其表示方法3.4.4 影响瑞利光散射光谱的主要因素3.4.5 共振光散射在药物-蛋白质相互作用中的应用3.5 红外吸收光谱法3.5.1 红外吸收光谱法及其特点3.5.2 红外吸收光谱的产生3.5.3 红外吸收光谱测定及其表示方法3.5.4 影响红外吸收光谱的主要因素3.5.5 红外光谱法在药物-蛋白质相互作用中的应用3.6 拉曼光谱法3.6.1 拉曼光谱法及其特点3.6.2 拉曼光谱的产生3.6.3 拉曼光谱与红外光谱的关系3.6.4 拉曼光谱的测定及表示方法3.6.5 影响拉曼光谱的主要因素3.6.6 其他拉曼光谱技术3.6.7 拉曼光谱在药物-蛋白质相互作用中的应用3.7 激光散射法3.7.1 激光散射法及其特点3.7.2 激光散射光谱的产生及测定3.7.3 激光散射光谱的分类3.7.4 影响激光光散射光谱的主要因素3.7.5 激光光散射在蛋白质及其与药物相互作用研究中的应用3.8 圆二色谱法3.8.1 圆二色谱法及其特点3.8.2 圆二色谱的产生3.8.3 圆二色谱的测定及其表示方法3.8.4 影响圆二色谱的主要因素3.8.5 圆二色谱在研究多肽和蛋白质二级结构方面的应用参考文献第4章 核磁共振波谱法4.1 核磁共振波谱法及其特点4.2 核磁共振波谱的产生4.2.1 原子核自旋现象4.2.2 核磁共振现象4.2.3 弛豫过程4.2.4 自旋偶合及自旋分裂4.3 核磁共振波谱测定及其表示方法4.3.1 化学位移4.3.2 定性和定量分析4.4 影响核磁共振波谱的主要因素4.4.1 样品制备4.4.2 实验参数设置4.4.3 溶剂选择4.4.4 影响化学位移的主要因素4.5 核磁共振波谱在药物-蛋白质相互作用中的应用4.5.1 表征蛋白质-配体相互作用的几个重要参数4.5.2 研究蛋白质-配体相互作用的核磁共振波谱技术参考文献第5章 用于预测药物-蛋白质相互作用的计算机技术5.1 定量结构-性质/活性关系5.1.1 定量结构-性质/活性关系的特点5.1.2 QSPR/QSAR研究的主要步骤5.1.3 QSPR/QSAR研究中的主要结构特征5.1.4 QSPR/QSAR研究中描述符选择方法5.1.5 QSPR/QSAR研究中的建模方法5.1.6 QSPR/QSAR在药物-蛋白质相互作用中的应用5.2 分子对接技术5.2.1 分子对接技术的发展与特点5.2.2 分子对接的分类及方法5.2.3 分子对接主要软件5.2.4 分子对接在药物-蛋白质相互作用中的应用参考文献第二部分 研究专题篇第6章 黄酮类化合物(山姜素和豆蔻明)与三种球状蛋白质相互作用的研究6.1 两种同分异构体的黄酮化合物简介6.2 山姜素和豆蔻明与人血清白蛋白(HSA)的相互作用研究6.2.1 山姜素和豆蔻明与HSA相互作用的荧光猝灭机理6.2.2 结合常数及结合位点数的计算6.2.3 结合距离的计算6.2.4 键合模式的确定6.2.5 判定药物影响HSA二级结构的定性依据:同步荧光光谱与紫外光谱6.2.6 判定药物影响HSA二级结构的定量依据:圆二色谱与红外光谱6.2.7 药物在血清白蛋白上结合位置的确定6.3 山姜素和豆蔻明与人免疫球蛋白(HIgG)的相互作用研究6.3.1 山姜素和豆蔻明对HIgG的荧光猝灭作用6.3.2 结合常数、结合位点数及结合距离的计算6.3.3 键合模式的确定6.3.4 判定药物影响HIgG二级结构的定性和定量依据6.3.5 分子对接结果6.4 山姜素和豆蔻明与溶菌酶(LYSO)的相互作用研究6.4.1 山姜素和豆蔻明对LYSO的荧光猝灭作用6.4.2 结合常数、结合位点数及结合距离的计算6.4.3 键合模式的确定6.4.4 判定药物影响LYSO二级结构的定性和定量依据6.4.5 共存离子对药物-蛋白质相互作用的影响参考文献第7章 呋喃类化合物(补骨脂素和异补骨脂素)与HSA和HIgG相互作用的研究7.1 两种同分异构体的呋喃类化合物简介7.2 补骨脂素和异补骨脂素与HSA的相互作用研究7.2.1 补骨脂素和异补骨脂素

对HSA的荧光猝灭机理7.2.2 结合参数的计算及键合模式的确定7.2.3 判定药物影响HSA二级结构的定性依据:同步荧光光谱与紫外光谱7.2.4 判定药物影响HSA二级结构的定量依据:圆二色谱与红外光谱7.2.5 药物在血清白蛋白上结合位置的确定7.3 补骨脂素和异补骨脂素与人免疫球蛋白(HIgG)的相互作用研究7.3.1 补骨脂素和异补骨脂素对HIgG的荧光猝灭作用7.3.2 结合参数及结合模式确定7.3.3 判定药物影响HIgG二级结构的定性和定量依据7.3.4 分子对接结果参考文献第8章 四种生物碱类化合物与血清白蛋白的相互作用8.1 长春碱类及胡椒碱化合物简介8.2 硫酸长春碱与SA相互作用的荧光光谱和紫外光谱8.2.1 硫酸长春碱与SA相互作用的荧光光谱和紫外光谱8.2.2 硫酸长春碱对SA的荧光猝灭机理的确定8.2.3 结合常数及结合模式8.2.4 共存离子对药物-蛋白质相互作用的影响8.3 基于文多灵碱的荧光增敏法研究与血清白蛋白的键合8.3.1 文多灵碱对SA的荧光增敏效应8.3.2 文多灵碱-SA体系的紫外光谱图8.3.3 文多灵碱与SA的结合参数与结合模式8.3.4 确定文多灵碱在HSA的结合位置8.3.5 共存离子对文多灵碱-BSA相互作用的影响8.4 酒石酸长春质碱对BSA的键合研究8.4.1 酒石酸长春质碱与BSA相互作用的荧光光谱和紫外光谱8.4.2 酒石酸长春质碱对BSA的荧光猝灭机理8.4.3 确定结合参数及作用力类型8.4.4 共存离子对酒石酸长春质碱-BSA相互作用的影响8.5 胡椒碱对血清白蛋白键和作用的研究8.5.1 胡椒碱与SA相互作用的荧光光谱和紫外光谱8.5.2 胡椒碱对SA的荧光猝灭机理8.5.3 胡椒碱-SA体系的结合参数及模式的确定8.5.4 胡椒碱键和HSA的位点确定参考文献第9章 醌类化合物(紫草素)与HSA和LYSO相互作用的研究9.1 紫草素简介9.2 紫草素与HSA和LYSO相互作用的荧光光谱及猝灭机理9.3 结合参数及模式确定9.4 判定紫草素影响蛋白质二级结构的定性依据和定量依据9.5 紫草素在血清白蛋白上结合位置的确定9.6 共存离子对紫草素-蛋白质相互作用的影响参考文献第10章 酚类化合物(愈创木酚)与HSA和HIgG相互作用的研究10.1 愈创木酚简介10.2 分子对接结果10.3 愈创木酚与HSA和HIgG相互作用的荧光光谱和紫外光谱10.4 愈创木酚与HSA和HIgG相互作用的荧光偏振研究10.5 确定愈创木酚与蛋白质键合的结合常数与结合模式10.6 判定愈创木酚影响蛋白质二级结构的定性依据和定量依据参考文献第11章 咕吨酮类化合物与HSA的相互作用11.1 两种咕吨酮类化合物简介11.2 DC及HM键合HSA的紫外光谱及荧光光谱11.3 DC及HM对HSA的荧光猝灭机理11.4 结合常数及键合位点数的计算11.5 键合模式的确定11.6 DC及HM键合HSA的位点竞争实验11.7 分子对接结果参考文献第12章 一种新型聚酰亚胺与蛋白质的相互作用12.1 聚酰亚胺化合物BAFP简介12.2 BAFP与HSA、HIgG相互作用的荧光光谱和紫外光谱12.3 BAFP与HSA、HIgG相互作用的红外光谱12.4 BAFP与HSA、HIgG相互作用的键合参数及模式12.5 BAFP在HSA、HIgG结合位置的确定参考文献第13章 药物小分子与蛋白质相互作用研究的前景及展望参考文献

章节摘录

版权页：插图：第1章 绪论 1.1 引言生物大分子是一切生命形式的基础。

重要的生物大分子有四类，主要包括蛋白质、核酸、多糖和脂类。

其中蛋白质、核酸、多糖是聚合物，它们分别由同一类但组成不完全相同的物质聚合而成。

生物大分子在机体内行使各种各样的功能，而这些功能往往是由其结构所决定的。

随着当代科学技术的发展，对生物大分子的研究已经从一般描述性科学过渡到探讨其具体化学结构的分子水平科学。

其中蛋白质与核酸是生物大分子中的两大组成部分，它们直接涉及生命科学的许多核心内容。

此外，药物与生命体生活有着密切的联系，药物的吸收、分布、代谢及排泄等体内过程，直接影响药物在其作用部位的浓度和有效浓度的持续时间，从而决定着药物的作用 药理作用和毒性作用的发生、发展和消除。

大多数药物分子均通过与生物体内的大分子结合起作用，这也是决定药物是否具有良好的生物利用度、药理活性、代谢稳定性和低毒性的主要因素。

药物主要通过干扰病原体的代谢而抑制其生长繁殖，以达到治疗的目的。

例如，青霉素抑制细菌细胞壁的合成，氯霉素抑制细菌核蛋白体的合成，氯喹啉与疟原虫的核蛋白结合 [主要是与脱氧核糖核酸 (DNA) 相结合] 抑制DNA的复制，使核酸合成减少，从而影响其生长繁殖。

药物自给药部位进入血液，随血液的循环再分布于全身各组织器官中，有的药物以其原形发生作用，有的药物构型发生了变化，药物及其代谢产物可以通过不同的途径排泄于体外。

联系药物吸收、分布和排泄的枢纽是血液。

药物 (无论是口服给药还是注射给药) 进入血液后，必然或多或少与血浆蛋白 (主要是白蛋白) 结合，结合后的药物不易穿透毛细血管壁、血脑屏障及肾小球等多种生物膜，限制其进一步运输，从而对药物在体内的分布与代谢产生重要影响，同时药物与血浆蛋白结合的程度决定了药物储留于血浆中的量，影响药物的最大作用强度，有利于防止作用大幅度波动并对延长药物作用时间起到缓释作用。

药物无论在体内起什么作用，其本质都是药物小分子与机体组织中具有重要功能的生物大分子之间进行物理和化学反应的最终结果。

这些能够与药物小分子发生结合并产生相应药理药效作用的生物大分子称为受体。

由于生物大分子参与形形色色的反应，它们行使的功能和参与的反应都具有高度的专一性，也是药物小分子与受体生物大分子相互作用并产生某专一生物效应的物质基础 [1, 2]。

在药物小分子与生物大分子相互作用的研究中，蛋白质作为一种重要的生物大分子已被广泛研究。

众所周知，蛋白质存在于所有的生物细胞中，是构成生物体最基本的结构物质和功能物质，它参与了几乎所有的生命活动过程。

具有多样性的蛋白质是形形色色的生物和绚丽多彩的生命活动的物质基础。

蛋白质分子的功能往往是由其结构所决定的，蛋白质分子结构与功能的研究是生命科学的核心课题。

探索蛋白质的构象、组成、结构，研究药物、染料、表面活性剂、离子、量子点等小分子与蛋白质的相互作用机理和作用过程，了解在客体分子作用下蛋白质结构与功能等方面的变化，不仅对研究生物大分子和小分子 (包括有机小分子、离子、量子点等) 相互结合作用的配位本质、促进生命科学的发展有着重要的意义，而且对改进和发展检测蛋白质的方法也有促进作用，在药代动力学及临床药理学上也具有重要意义。

因此，该领域已成为从事生命科学、化学、药代动力学和临床医学科研者共同关注的课题 [3, 4]。

近年来，国内有关研究也日趋活跃 [5-9]。

根据研究目的和任务不同，可选取具有不同功能的蛋白质，如血清白蛋白、 α -酸性糖蛋白 [10]、血红蛋白 [11, 12]、免疫球蛋白 [13]、胆汁蛋白 [14] 等为模型蛋白。

其中，血清白蛋白是血浆中最丰富的蛋白质，是生物体内具有重要生理功能的大分子 [15]，它可以同许多内源性和外源性物质结合，起着重要的储存和运输作用。

并且，血液中血清白蛋白浓度长期以来一直是检验健康和疾病的指标。

<<小分子与蛋白质作用的谱学及应用>>

与其他蛋白质相比,血清白蛋白具有相对分子质量小、水溶性好、稳定性高、易提纯制备等优点,在临床药物研究中一直作为模型蛋白,也是研究高分子蛋白质物理化学性质、结构与功能、临床应用以及变异方面的理想蛋白质,因此,在药理学、临床医学和分子生物学等方面有重要的应用价值。

人血清白蛋白(human serum albumin, HSA)可以同许多内源和外源小分子物质发生作用。

血液中有许多内源物质可与HSA结合,如胆红素、脂肪酸、维生素、激素、电解质等。

如果体内的脂肪酸浓度超过一定值则会禁阻许多药物与HSA的结合,当低于某值时,则禁阻可以完全忽略,脂肪酸对药物与HSA结合的调节作用主要由药物与HSA亲和力的大小决定,亲和力越大,脂肪酸的影响就越小;又如,HSA与胆红素具有较强的结合作用,许多药物可以将结合在HSA上的胆红素置换下来而导致细胞毒性增大,如某些磺胺药物抑制胆红素与HSA的结合,可以导致新生儿黄疸。

蛋白质除了与内源性物质作用外,还可以同许多外源性小分子如药物、染料、表面活性剂、离子、配合物、量子点等结合。

这些物质与蛋白质结合生成超分子复合物之后,体系的光谱、电化学等性质发生改变,从而提供蛋白质浓度或结构方面的信息。

因此,药物与蛋白质的相互作用在药物动力学及临床药理学上有重要意义。

建立药物-蛋白质结合的体外模型,了解结合的紧密程度、结合部位、结合力、结合数等问题,不仅对揭示体内的药物动力学问题、指导合理用药具有一定意义,同时对进行药物分子设计、新药开发也具有重要的指导意义[16]。

1.2 小分子物质与蛋白质相互作用的研究方法概述 人们采用多种现代实验手段如紫外可见吸收光谱、荧光光谱法、圆二色谱法、激光拉曼光谱法、傅里叶变换红外光谱、核磁共振法、质谱、电化学分析法、平衡透析法、液相色谱法、微量热、毛细管电泳及黏度等方法从不同角度对小分子与蛋白质之间的相互作用进行了广泛的研究。

利用这些光谱可得到许多关于蛋白质与药物分子作用的信息,包括结合常数、结合位点数、结合位置、作用力类型以及蛋白质分子在相互作用中结构的变化等有用的信息。

由于蛋白质的特定生理活性在很大程度上由其构象决定,因此,药物与生物大分子是否相互作用的一个重要指标就是蛋白质的构象是否发生了变化[17, 18]。

1.2.1 蛋白质与药物小分子相互作用研究的常用方法 从蛋白质存在的形式来看,研究蛋白质分子构象的方法可以概括为两大类:一类是测定溶液中蛋白质分子的构象,如核磁共振法、圆二色性光谱法、激光拉曼光谱法、红外光谱法、荧光光谱法、紫外光谱法以及氢同位素交换法;另一类是测定晶体蛋白质的分子结构,如X射线衍射分析法和中子衍射法(表1-1)。

这些实验技术各有其优越性和局限性:X射线衍射分析法虽然可以较准确地测量晶态蛋白质分子的空间结构,但许多蛋白质难以培养出单晶,方法也很复杂,而且生命体中蛋白质多数以溶液状态存在,与晶体结构往往有一定的差别,测定结果不能准确地说明蛋白质在生理状态下结构与功能的关系。

中子衍射法由于仪器昂贵等原因,目前应用于蛋白质分子构象研究刚起步。

核磁共振(nuclear magnetic resonance, NMR)技术只能测定小分子蛋白质的结构。

荧光光谱法(fluorescence spectroscopy)是研究蛋白质分子构象的一种常用的有效方法,能提供包括激发光谱、发射光谱以及荧光强度、量子产率、荧光寿命、荧光偏振等许多物理参数,这些参数能从各个角度反映分子的成键和结构情况,该法不但可以做一般的定量分析,而且还可以推断蛋白质分子在各种环境下的构象变化,从而阐明蛋白质结构与功能之间的关系;同时,荧光光谱法还具有灵敏度高、选择性强、用样量少、方法简便、仪器价廉等优点,在药物与蛋白质的相互作用研究中应用越来越广泛。

圆二色性(circular dichroism, CD)光谱法也可测定蛋白质在溶液状态的结构,从CD谱的变化可获得一些重要信息。

而傅里叶变换红外光谱(Fourier transformation infrared spectroscopy, FT-IR)法有其独特之处,它适用于不同状态、不同浓度及不同环境中蛋白质和多肽的测定[20],将FT-IR与去卷积(deconvolution)、二阶导数谱(second derivative spectrum)和曲线拟合(curve-fitting)等数学处理方法结合用于蛋白质二级结构的研究是很有发展前景的新兴研究领域。

此外,基于计算机对接技术的分子模拟也是近年来发展较快的一门新兴学科,可用于在分子水平上研

<<小分子与蛋白质作用的谱学及应用>>

究药物与蛋白质相互作用的情况。

1.2.2 蛋白质与药物小分子相互作用研究的其他方法 在诸多分析生物大分子与药物小分子相互作用的研究方法中,除以上所述的几种光谱法与化学信息学以外,其他仪器分析方法也较为常见。

其中,平衡透析法以及超滤是应用最为广泛的方法,主要是因为其简单而且易应用于不同体系 [21-27]。

虽然色谱方法主要用来分离纯化生物活性化合物,但固定生物大分子的高效液相色谱固定相的引入使其成为研究小分子试剂与大分子相互作用的强有力手段 [28-30]。

毛细管亲和凝胶电泳 [31-33] 或利用蛋白质固定相的毛细管电色谱 [34] 也已经应用于蛋白质与药物相互作用研究。

作为研究生物大分子的溶液状态行为的方法,激光散射方法在药物与生物大分子相互作用研究中的应用主要集中在两性分子药物与蛋白质的研究方面 [35-43] 等。

通过检测小分子配体在不同蛋白质浓度时核磁弛豫速率或扩散系数的变化,可以用核磁共振法进行药物-蛋白质的动力学研究 [44-46]。

近年来,研究生物大分子相互作用的新技术不断出现,基于表面等离子体共振 (surface plasmon resonance, SPR) 的生物传感器技术或称生物分子相互作用分析技术 (bimolecular interaction analysis, BIA) [47-50] 在生命科学相关领域的研究方面已取得了很大的进展。

Rich 等利用 SPR 传感器研究了香豆素、洋地黄毒苷、萘普生、强的松、利福平等药物 [51] 与 HSA 的相互作用; Ahmad 等 [52] 则利用基于 SPR 方法的 Biacore 3000 传感器研究了对映体药物与固定蛋白质的相互作用的差异性。

虽然 SPR 必须将研究对象之一固定于换能器表面,但其仍将是研究相互作用的一种较好的方法。

此外,在药物代谢动力学研究中,高效前沿分析 [53, 54] 是近几年发展起来的一种能同时测定药物与蛋白质结合平衡中游离药物浓度和总药物浓度的一种新的色谱方法,该方法通过测定平台峰高度和峰面积可得到游离药物浓度和总药物浓度,研究药物-蛋白质结合情况,测得生物利用度等药动学参数。

对药物与蛋白质结合的研究一般分为定量、定性两种。

确定复合物的离解常数和结合位点数就是定量研究,确定这些常数有助于了解复合物的稳定性;而对药物-蛋白质复合物的特征参数进行定性描述,则有助于进行药物筛选,并能提供药物空间取向信息等。

近年来,作者致力于植物药中活性小分子与蛋白质相互作用的研究。

针对药物小分子与蛋白质相互作用的情况,本书阐述了两方面内容:一是论述相关蛋白质的结构与性质,以及多种光谱学、核磁共振波谱学和计算机化学技术的基础理论;二是介绍应用多种谱学方法 (主要包括荧光光谱法、紫外光谱法、傅里叶变换红外光谱法和圆二色性光谱法), 并结合计算机化学法对若干植物药中活性小分子与几种球状蛋白质相互作用的研究成果 [55-83]。

参考文献 [1] 徐文芳. 新药设计原理与方法. 北京: 中国医药科技出版社, 1997. [2] 姜红, 安普丽, 蒋晔. 药物与蛋白质相互作用研究方法的进展. 第二军医大学学报, 2007, 28 (6) : 662. [3] Lin Y L, Lin S R, Wu T T, et al. Evidence showing an intermolecular interaction between KChIP proteins and Taiwan cobra cardiotoxins. *Biochem Biophys Res Commun*, 2004, 319 (3) : 720. [4] Chan Warren C W, Shuming N. Quantum dot bioconjugates for ultrasensitive nonisotopic detection. *Science*, 1998, 281 (5385) : 2016. [5] 曹书霞, 赵玉芬. 分子吸收光谱在生物体大分子研究中的应用. *光谱学与光谱分析*, 2004, 24 (10) : 1197. [6] 张华新, 颜承农, 黄星, 等. 小分子配体与蛋白质作用的荧光法研究进展. *化学与生物工程*, 2005, 9 : 4. [7] 饶美香, 李蕾. 药物与蛋白质相互作用的研究新进展. *赣南师范学院学报*, 2002, 3 : 46. [8] 俞英, 周震涛. 蛋白质光谱探针的研究进展. *光谱学与光谱分析*, 2005, 25 (4) : 628. [9] 刘静, 徐桂英. 表面活性剂与蛋白质相互作用的研究进展. *日用化学工业*, 2003, 33 : 29. [10] Brown M B, Miller J N, Seare N J. An investigation of the use of Nile red as a long-wavelength fluorescent probe for the study of alpha 1-acid glycoprotein-drug interactions. *J Pharma Biomed Anal*, 1995, 13 (8) : 1011. [11] Shen X Can, Liou X Y, Ye L P, et al. Spectroscopic studies on the interaction between human hemoglobin and CdS quantum dots. *J Colloid Interface Sci*, 2007, 311 (2) : 400. [12] Ajloo D

, Moosavi-Movahedi A A , Hakimelahi G H , et al. The effect of dodecyl trimethylammoniumbromide on the formation of methemoglobins and hemichrome. *Colloid Surface B* , 2002 , 26 (3) : 185. [13] Liu Y C , He W Y , Gao W H , et al. Binding of wogonin to human gammaglobulin. *Int J Bio Macromol* , 2005 , 37 (1) : 1. [14] 谢安建, 姚成立, 沈玉华. Mg²⁺ 与胆汁蛋白质相互作用研究. *无机化学学报* , 2005 , 21 (3) : 413. [15] Mcmenamy R H . *Albumin Structure , Function and Uses*. Oxford : Dergamon Press , 1977. [16] 郭宗儒. *药物化学总论*. 北京 : 中国医药科技出版社 , 1994. [17] 杨池明. 脑神经退行性疾病中的有机化学-朊病毒 (疯牛病) 中的蛋白物理有机化学和自由基化学. *高等学校化学学报* , 2002 , 23 (2) : 243. [18] 蒋俊光, 王振新, 刘长伟, 等. 红外光谱和圆二色光谱法研究羧基配位的辣根过氧化物酶 (HRP) 的热伸展过程. *高等学校化学学报* , 2001 , 22 (7) : 1131. [19] 陶慰孙, 李惟, 姜涌明. *蛋白质分子基础*. 第2版. 北京 : 高等教育出版社 , 1995. [20] Haris P I , Severcan F J. F TIR spectroscopic characterization of protein structure in aqueous and non-aqueous media. *Molecular Catalysis B : Enzymatic* , 1999 , 7 (1-4) : 207. [21] Saik U , Phuc N , Sebastein B , et al. Characterization of discrete classes of binding sites of human serum albumin by application of thermodynamic principles. *Biochem J* , 1994 , 302 : 69. [22] Takamitsu K , Toru M , Masaki O. Species differences of serum albumins : I. drug binding sites. *Pharm Research* , 1997 , 14 (11) : 1607. [23] Norito T , Mohamed H R , Keishi Y , et al. Interaction of benzothiadiazides with human serum albumin studied by dialysis and spectroscopic methods. *Pharm Research* , 1994 , 11 (10) : 1452. [24] Ulrich K H. Relations between high-affinity binding sites of markers for binding regions on human serum albumin. *Biochem J* , 1985 , 225 : 629. [25] Yamasaki K , Maruyama T , Yoshimoto K , et al. Interactive binding to the two principal ligand bindingsites of human serum albumin : Effect of the neutral-to-base transition . *Biochim Biophys Acta* , 1999 , 1432 (2) : 313. [26] Clausen J , Bickel M H. Prediction of drug distribution in distribution dialysis and in v i v o from binding to tissues and blood. *J Pharm Sci* , 1993 , 82 (4) : 345. [27] Minder S , Daniel W A , Clausen J , et al . Adipose tissue storage of drugs as a function of binding competition : In-vitro studies with distribution dialysis . *J Pharm Pharmacol* , 1994 , 46 (4) : 313. [28] Noctor T A G , Wainer I W , Hage D S . Allosteric and competitive displacement of drugs from human serum albumin by octanoic acid , as revealed by high-performance liquid affinity chromatography , on a human serum albumin-based stationary phase . *J Chromatogr B* , 1992 , 577 (2) : 305. [29] Hage D . High-performance affinity chromatography : A powerful tool for studying serum protein binding . *J Chromatogr B* , 2002 , 768 (1) : 3. [30] Wainer I W . Enantioselective high-performance liquid affinity chromatography as a probe of ligand-biopolymer interactions : An overview of a different use for high-performance liquid chromatographic chiral stationary phases . *J Chromatogr A* , 1994 , 666 (1-2) : 221. [31] Birnbaum S , Nilsson S . Protein-based capillary affinity gel electrophoresis for the separation of optical isomers . *Anal Chem* , 1992 , 64 (22) : 2872.

<<小分子与蛋白质作用的谱学及应用>>

编辑推荐

《小分子与蛋白质作用的谱学及应用》是生命科学研究的重要领域，药物小分子与蛋白质作用机理的研究具有很大的发展潜力，是医学、药理学、化学、分子生物学学科中的重要课题。也可为探讨人类疾病机理，诊断、预防疾病，制药和新药开发提供重要的信息和依据，在阐明药物动力学、耐药性和毒副作用的机理及临床药理学方面也具有重要意义。不仅对从事药物开发和生命科学领域的科研人员具有重要的指导作用和参考价值，而且还可供高等院校相关专业的师生阅读参考。

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>