

<<酶催化动力学>>

图书基本信息

书名：<<酶催化动力学>>

13位ISBN编号：9787502598433

10位ISBN编号：750259843X

出版时间：2007-4

出版单位：化学工业

作者：A.G.马兰戈尼

页数：193

字数：253000

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>

## &lt;&lt;酶催化动力学&gt;&gt;

## 内容概要

作为生命活动的主要“推动者”，酶是许多重要的药物作用靶点和非常有用的合成反应催化剂。酶催化过程的动力学研究揭示了酶催化反应的速度关系，为催化过程的合理设计提供了强有力的理论支持。

本书系统讲述酶催化的动力学原理及应用，与其他动力学图书相比，不同之处在于：除了论述传统的酶催化动力学以外，突出介绍界面酶催化、多位点与协同酶、机理性抑制等较难和较新的动力学研究领域；强调对动力学模型与实验数据拟合程度的评价，针对数据的不同误差结构阐述了许多实用、简单的评判工具和方法；第14章引导读者对文献中发表的动力学研究数据进行合理分析，甄别其中可能作出的不合理推论，使研究者在自身研究工作中少走弯路；第15章结合作者自身研究工作，介绍酶催化动力学模型如何用于蛋白质结构与功能关系的研究。

生物工程、生化工程、发酵工程、生物技术等领域的研究生和其他研究者。会发现本书不仅提供了他们急需了解的最新动力学模型，还告诉他们进行动力学研究中可能进入的误区和简便易行的分析策略。

## &lt;&lt;酶催化动力学&gt;&gt;

## 书籍目录

- 第1章 动力学分析的方法和技巧 1.1 概述 1.2 基本速度定律 1.3 反应速度与温度的关系 1.4 酸-碱化学催化作用 1.5 反应速度理论 1.6 复杂反应途径第2章 酶是如何工作的第3章 酶活特性 3.1 过程曲线和反应速度的测定 3.2 催化模型：平衡和稳态 3.3 测定催化常数 $K_m$ 和 $V_{max}$ 的一般方法 3.4 实例 3.5 根据过程曲线测定酶催化参数第4章 可逆的酶抑制 4.1 竞争性抑制 4.2 反竞争性抑制 4.3 线性混合型抑制 4.4 非竞争性抑制 4.5 应用第5章 酶的不可逆抑制 5.1 简单不可逆抑制 5.2 底物存在下的简单不可逆抑制 5.3 与时间相关的简单不可逆抑制 5.4 底物存在时与时间相关的简单不可逆抑制 5.5 与时间相关的抑制和与时间不相关的抑制之间的区别第6章 酶催化反应的pH依赖性 6.1 模型 6.2 催化参数的pH依赖性 6.3 测定催化相关功能基团pK值的新方法第7章 双底物反应 7.1 随机序列Bi Bi机制 7.2 有序序列Bi Bi机制 7.3 乒乓Bi Bi机制 7.4 机制之间的区分第8章 多位酶和协同酶 8.1 连续相互作用模型 8.2 协同转变或对称模型 8.3 应用 8.4 现实性检查第9章 固定化酶 9.1 批式反应器 9.2 活塞流式反应器 9.3 连续搅拌式反应器第10章 界面酶 10.1 模型 10.2 单位体积界面面积的测定 10.3 饱和界面的酶覆盖率测定第11章 酶反应的瞬变相 11.1 快速反应技术 11.2 反应机理 11.3 弛豫技术第12章 酶稳定性 12.1 动力学分析 12.2 热力学分析 12.3 举例第13章 机理性抑制 13.1 交替底物抑制 13.2 自杀抑制 13.3 例子 参考文献第14章 动力学原理在实际中的应用 14.1 测定初始速度吗？ 14.2 Michaelis-Menten模型适合吗？ 14.3 初始 [ S ] 与速度关系图看起来像什么？ 14.4 使用的 [ S ] 范围适当吗？ 14.5 在动力学模型中是否有一致性？ 14.6 结论 参考文献第15章 在研究蛋白质的结构与功能关系中酶动力学数据的使用 15.1 用类似于天然蛋白质的各种微生物体系表达蛋白质吗？ 15.2 把酶原转变成活性酶的机理是什么？ 15.3 在活性酶的活化和结构与功能方面前肽起什么作用？ 15.4 特殊结构和（或）残基在酶结构与功能中起什么作用？ 15.5 能通过突变使酶的结构对环境条件稳定吗？ 15.6 结论 15.7 突变研究中使用的缩写 参考文献主要参考文献索引

<<酶催化动力学>>

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>