

# 分子生物学术语汇编

科学出版社

# 分子生物学术语汇编

(美) A. 伊文思 著

中国科学院生物化学研究所资料室

中国科学院生物物理研究所情报资料室

译



科学出版社

1979

## 内 容 提 要

本书根据 1974 年初版 A. Evans 著 «Glossary of Molecular Biology» 一书译出。原著所收词条为 1974 年前国外资料中常见的词，共计 338 条。每条词后附有简明译文，涉及细胞学、遗传学、免疫学、微生物学、病毒学等方面，全书约 5 万字。

f

## 分子生物学术语汇编

[美] A. 伊文思 著

中国科学院生物化学研究所资料室 译  
中国科学院生物物理研究所情报资料室

\*

科学出版社 出版

北京朝阳门内大街 137 号

河北正定县印刷厂印刷

新华书店北京发行所发行 各地新华书店经售

\*

1977年 11月第 一 版 开本：787×1092 1/32

1979年 4月第二次印刷 印张：2 3/4

印数：13,871—45,350 字数：58,000

统一书号：17031·57

本社书号：909·17—1

定价：0.36 元

## 译 序

在毛主席革命路线的指引下，随着我国科学技术的蓬勃发展，蛋白质和核酸的合成和生产，以及结构与功能的研究正在我国迅速发展，逐步应用于工业、农业和医药等方面。由于这一方面工作发展较快，接触到的术语和词汇也越来越多。为了适应这一形势的需要，我们遵循毛主席关于“洋为中用”的教导，将 A. 伊文思所著《分子生物学术语汇编》(Glossary of Molecular Biology)》(1974年初版)译成中文以供读者参考。

本书最后由中国科学院生物物理所情报资料室刘蓉同志审校。

由于我们水平所限，译文中一定有许多不妥之处，请批评指正，以便在再版时修正。

译 者  
1976年2月

## 命 名 法

本书所用酶的编号系国际理论与应用化学联合会(IUPAC)和国际生物化学联合会(IUB)所属酶委员会(EC)推荐的编号,刊载于 *Enzyme Nomenclature* (1973年版本)。

核酸、核苷酸聚合物以及它们的成分的名称和缩写符号,系由 IUPAC 和 IUB 委员会所推荐,刊载于 *Biochemical Journal*, 120, 449-54(1970)。

## 目 录

译序 .....	iii
命名法 .....	iv
正文 .....	1
参考文献 .....	76

## **Acceptor RNA 受体 RNA**

参看 Transfer RNA 转移核糖核酸。

## **Actin 肌动蛋白**

从肌肉中提取出来的蛋白质。分子量约为 70,000。在骨骼肌中，肌动蛋白分子构成肌原纤维的“细丝”，与肌肉中主要的蛋白质肌球蛋白的“粗丝”结合在一起。G-肌动蛋白是球状单分子，其重复结构形成成股的 F-肌动蛋白纤维。这种肌动蛋白纤维有两股，围绕着一根共同的轴形成双股右手螺旋。原肌球蛋白 (Tropomyosin\*) 位于肌动蛋白螺旋的沟中，它与肌钙蛋白 (Troponin) 以及钙离子共同构成一种调节肌动蛋白与肌球蛋白相互作用的体系，直接控制着肌肉收缩<sup>[82]</sup>。

参看 Myosin 肌球蛋白。

## **Activating enzymes 活化酶, 激活酶**

参看 Aminoacyl-tRNA synthetases 氨酰基-tRNA 合成酶。

## **Activation 激活作用**

细胞内，氨基酸分子即将被合成为蛋白质前所发生的变化。在有 ATP 存在时，氨基酸在激活酶的作用下，形成氨基酰腺苷酸，仍保持结合在酶上。一个氨基酸经过激活以后即可被一个特定的转移 RNA 分子所“识别”，再经过激活酶的氨酰基转移作用与此特定的转移 RNA 相结合，并被运送到

\* tropomyosin—词系由“myosin”加前缀“tropo”组成，《英汉生物化学词汇》译作“原肌球蛋白”，现已搞清它不是肌球蛋白的前体。(参看 1975 年 11 月号“Scientific American”第 36 页)这里为了和《英汉生物化学词汇》取得一致，仍沿用原译法。——译者注

核蛋白体上进行蛋白质的合成。

参看 **Aminoacyl-tRNA synthetases 氨酰基-tRNA合成酶**。

**Active site (Binding site, Catalytic site)** 活性部位(结合部位,催化部位)

蛋白质(酶)分子上与某化合物(底物)结合的区域。由于酶的作用可使该化合物的结构发生改变。组成活性部位的各基团在多肽链上可能相距很远,但是由于二级和三级结构的折叠作用,使这些基团聚在一起而形成一个功能单位。

参看 **Allosteric transition 别构转变**。

**Actomyosin (Myosin B)** 肌动球蛋白(肌球蛋白 B)

形成肌肉收缩单元的蛋白质。它是肌球蛋白与肌动蛋白多肽链的复合物,并有三磷酸腺苷酶的活力。

参看 **Actin 肌动蛋白** 和 **Myosin 肌球蛋白**。

**Adaptor molecule 接合体分子**

参看 **Transfer RNA 转移核糖核酸**。

**Adenine (6-Aminopurine)** 腺嘌呤(6-氨基嘌呤)

杂环化合物嘌呤的一种衍生物,核酸中的一个主要碱基。

参看 **Adenosine 腺苷** 和 **Base 碱基**。

**Adenosine 腺(嘌呤核)苷**

构成核酸的一种核糖核苷(含腺嘌呤碱基)。它也是遗传密码的一个单位(A)。在脱氧核糖核酸(DNA)中,腺苷以非共价键与胸腺嘧啶脱氧核苷(T)“配对”,在核糖核酸(RNA)中则与尿嘧啶核苷(U)“配对”。

参看 **Base 碱基**。

**A-form (DNA-A)** A-型 DNA (DNA-A)

在相对湿度低于 70% 时 DNA 的分子构象 (DNA-A); X-射线分析表明 DNA-A 的钠盐具有非常整齐的结晶形态。在 90% 的相对湿度下, DNA-A 变成类晶的 B-型 (DNA-B)<sup>[64]</sup>。

参看 **B-form** B型、**C-form** C型和 **Dexoxyribonucleic acid** 脱氧核糖核酸。

### **Allele 等位基因**

一个基因或位点在突变中发生变化, 其结构由于缺失、取代或插入等作用而改变了原有的核苷酸特定顺序, 这种改变后的基因或位点即称为等位基因。

参看 **Locus 位点**。

### **Allosteric effector (Allosteric modulator) 别构效应物 (别构调节物)**

一种小分子。它能与酶分子上的非催化部位(别构部位, 调节或控制部位)相互作用从而改变酶的活性, 或与其它蛋白质分子上这样的部位相互作用从而改变蛋白质的生物功能。

### **Allosteric transition 别构转变**

蛋白质分子的一种可逆性分子转变。这种转变能改变活性部位的性质, 从而改变蛋白质的生物活性。

### **Alpha helix $\alpha$ -螺旋**

参看  **$\alpha$ -helix  $\alpha$ -螺旋**。

### **Amber triplet 琥珀型三联体**

终止密码子 UAG 的名字。因发现它在大肠杆菌噬菌体 T4 的“琥珀型”突变种中可被压制而得名。(德国人 H. Bernstein 是 T4 突变种的发现者, 该突变种选择性地侵入某一种特殊的大肠杆菌菌株; Bernstein 在德语中意为“琥珀”。)

## **Ambiguous codon 双关密码子**

能被译成一种以上氨基酸的核苷酸三联体(“误译”)。多聚(U)(密码子UUU)不仅仅是苯丙氨酸的密码，而且在有限的程度上也能作为亮氨酸的密码。抗菌素(链霉素、卡那霉素、新霉素)增加误译性质的差错，就象实验系统中 pH、温度和离子的变化也会引起实验误差一样。

参看 **Codon密码子** 和 **Genetic code遗传密码**。

## **Amino acid sequence 氨基酸顺序**

氨基酸成份在特定的多肽或蛋白质分子中的有序排列。可由顺序分析法测定。这种顺序代表该分子的一级结构。胰岛素是用此法测出全部氨基酸顺序的第一个蛋白质<sup>[105]</sup>。

## **Amino terminal (N-terminal residue) 氨基末端 (N-末端残基)**

位于多肽链一端的氨基酸(残基)。它的氨基没有参予肽键的形成，处于自由状态。在控制降解的过程中，鉴定蛋白质的氨基末端，是末端分析方法的组成部分，而藉末端分析就可测定蛋白质的氨基酸顺序。

## **Aminoacyl adenylate 氨酰基腺苷酸**

参看 **Aminoacyl-tRNA synthetases 氨酰基-tRNA合成酶**。

## **Aminoacyl-tRNA synthetases 氨酰基-tRNA 合成酶**

每一个氨酰基-tRNA 合成酶(例如酪氨酰-tRNA 合成酶 EC 6.1.1.1)，通过催化一个特定的氨基酸与 ATP 的反应以产生一个氨酰基-腺苷酸-酶的复合物，从而使该氨基酸“激活”。这个羧基被激活的氨基酸由一个特定的转移RNA(tRNA)所接受，然后在核蛋白体上被纳入多肽链中，氨酰基-tRNA

合成酶还能催化氨酰基至 tRNA 的转移作用。

参看 Activation 激活作用



北林图 A00061437

### Annealing 退火

使来源于不同细菌的两条分散的变性 DNA  
或核糖核酸链重新组合成双链螺旋的缓慢冷却过程。

参看 Denaturation 变性和 Hybridisation technique  
杂交技术。

### Anticodon 反密码子

转移 RNA(tRNA) 中的碱基(核苷酸)三联体。它与信使 RNA(mRNA) 中的密码子互补，因此可以彼此配对。例如，在苯丙氨酸 tRNA 中，反密码子是 GAA (其中 G 和 A 分别表示鸟苷和腺苷)。在 tRNA 中，反密码子是 RNA 链上非螺旋区域的核苷酸所形成的“突环”的一个部分。

参看 Codon 密码子、Genetic code 遗传密码、Transfer RNA 转移核糖核酸和 Translation 翻译。

### Anti-sense strand 反意义链

DNA 双螺旋结构中的一股单链，它是由转录形成的 RNA 链的一个复本。在双螺旋中与它配对的另一条链，即所谓有意义链，则与转录所得的 RNA 链互补。

参看 Transcription 转录。

### Apoenzyme 酶蛋白

某一类酶分子的蛋白质亚基。这类酶分子除含有蛋白质外，还含有一个非蛋白质“辅基”。

### Apurinic acid 无嘌呤核酸

DNA 用稀无机酸处理以后的产物。这种化合物仍含有 DNA 中原有的嘧啶核苷酸，但是嘌呤核苷酸则为脱氧核糖磷

3023195.

酸酯所代替。DNA 的酸降解处理曾被用于测定核苷酸顺序。

### **Bacteriophages (Phages) 噬菌体**

最简单的已知病毒。以细菌为寄主。由于每个“噬菌体”颗粒内的单链 RNA 遗传物质只能决定 3 个或 4 个蛋白质，因此噬菌体的复制已被详细研究。1967 年已经用酶促方法，在离体条件下，用噬菌体 DNA 作为模板人工合成了一个完整的，并具有生物活力的噬菌体  $\phi$ X174 的染色体<sup>[34]</sup>。为大肠杆菌噬菌体 MS2 的“壳蛋白质”译码的基因顺序，是第一个被测定的全基因顺序<sup>[80]</sup>。

参看 Lysogeny 溶源性和 Ribonucleic acid bacteriophages 核糖核酸噬菌体。

### **Base 碱基**

核酸水解所产生的含氮杂环化合物。核酸的碱基是嘧啶(胞嘧啶、尿嘧啶、胸腺嘧啶)或嘌呤(腺嘌呤、鸟嘌呤)的衍生物。N-甲基-或 C-甲基-取代的腺嘌呤和鸟嘌呤是少量存在于各种 RNA 中的“稀有”碱基。

参看 Purine bases 嘌呤碱基和 Pyrimidine bases 嘧啶碱基。

### **Base pairing 碱基配对**

构成双螺旋结构的两股多核苷酸链上的嘌呤碱基和嘧啶碱基，彼此围绕着螺旋轴通过氢键配对。由于空间关系的原因，腺嘌呤专一的与胸腺嘧啶配对，而鸟嘌呤则与胞嘧啶专一的配对。这些条件也决定着根据第一条多核苷酸链形成第二条(互补的)多核苷酸链时，碱基排列的必然顺序。在已知碱基顺序的单股 RNA 分子中，根据碱基配对原理，使人们可以推测这些分子的二级结构。

参看 Double helix 双螺旋。

### Base sequence 碱基顺序

多聚核苷酸中核苷酸组成部分的种类和特定排列顺序。一般根据其中所含嘌呤和嘧啶碱基，用代表核苷的单个字母缩写符号来表示。许多小 RNA 分子的碱基顺序为已知。一些 DNA 的碱基顺序可用不同方法间接测定，例如：(1) 在离体条件下用 RNA 聚合酶(大肠杆菌)将 DNA 转录，然后分析转录获得的 RNA，或(2) 用 DNA 聚合酶 I 合成一个标记的互补 DNA 链，然后分析此链；或采用分析噬菌体  $\phi$ X174DNA 曾用过的直接方法<sup>[106], [138]</sup>，即用核酸内切酶和核酸外切酶顺序酶促水解，并分析每一步的最终产物。

参看 Base 碱基和 Base pairing 碱基配对。

### Base stacking 碱基堆积

在华生-克里克 (Watson-Crick) 双螺旋模型中，核苷酸内所含嘌呤和嘧啶碱基的排列。碱基位于分子的中心，与螺旋轴成直角，堆砌成垛，彼此相距 0.34 毫微米。在两股多核苷酸链中彼此配对的碱基占有同一平面，一条链上的嘌呤碱基和另一条链上的嘧啶碱基以氢键相联系。在成垛的碱基之间，由纵向作用力[范氏 (van der Waals) 作用力和去极化作用力]保证了螺旋结构的稳定性。

参看 Double helix 双螺旋。

### Beta configuration $\beta$ -构型

参看 Fibrous proteins 纤维状蛋白质。

### Beta structure $\beta$ 结构

参看  $\beta$ -pleated sheet  $\beta$ -折叠片。

### B-form (DNA-B) B 型 DNA (DNA-B)

DNA 在含水介质中的分子构象是类晶型<sup>[64]</sup>，称为 DNA-B。相对湿度低于 44% 时，DNA-B 转变为 C 型 DNA。

参看 **A-form A 型、C-form C 型** 和 **Deoxyribonucleic acid 脱氧核糖核酸**。

### **Binding site 结合部位**

参看 **Active site 活性部位**。

### **'Breathing' “呼吸”(瞬时结构变化)**

生物大分子结构中的瞬时动态变化。据认为，这样的变化有利于从结构内部交换氢原子，对分子在生物学上的功能可能有其意义<sup>[28], [94]</sup>。DNA 结构中某个特定核苷酸对的开放或封闭，可能是一种使酶得以接近分子的控制系统。

### **CAP factor CAP 因子**

参看 **Cyclic AMP receptor protein 环化 AMP 受体蛋白**。

### **Capsid 衣壳(病毒)**

简单病毒颗粒的蛋白质外壳。衣壳蛋白质由许多称为“子粒”的小单位组成，环绕着最里层的多核苷酸（RNA 或 DNA）“核心”，外面又由病毒颗粒的外膜（“鞘”）所包裹。

### **Carboxyl terminal (C-terminal residue) 羧基末端 (C-末端残基)**

位于多肽链一端的氨基酸残基。其羧基处于自由状态，也就是说没有参予肽键的形成。在控制降解的过程中，鉴定蛋白质的羧基末端，是末端分析方法的组成部分，可藉以测定蛋白质的氨基酸顺序。

### **Catalytic site 催化部位**

参看 **Active site 活性部位。**

### **Catenated molecules 连环分子**

彼此之间以连锁方式连接成链的环状分子。当感染性噬菌体 DNA 的复制过程因采用一种突变型寄主 (rec A)<sup>[5]</sup>而被阻断时，在被感染的大肠杆菌细胞中就产生连接成串的环状 DNA 分子。线粒体的环状 DNA 分子也能连接成串<sup>[137]</sup>。

### **‘Central dogma’ ‘中心法则’**

遗传学的分子解释。这种假说认为：细胞内部的遗传信息由多核苷酸分子中碱基排列的线性顺序代表，这些碱基顺序又决定着蛋白质分子的氨基酸顺序<sup>[134]</sup>。可以概括为：  
DNA → RNA → 蛋白质。

参看 **Genetic code 遗传密码。**

### **C-form (DNA-C) C 型 DNA (DNA-C)**

DNA 在相对湿度低于 44% 时的分子构象<sup>[7]</sup>。

参看 **A-form A 型、B-form B 型和 Deoxyribonucleic acid 脱氧核糖核酸。**

### **Chain initiation 链起始作用**

参看 **Protein synthesis 蛋白质合成。**

### **Chloroplasts 叶绿体**

绿色植物细胞的细胞质中看到的圆盘状小体。直径约为 5 毫微米，内含叶绿素。即使在离体条件下，光合作用也能在叶绿体内发生以形成淀粉。由于叶绿体内存在着多核苷酸，很可能存在着与细胞核无关的遗传独立性。

### **Chromatid 染色单体**

细胞分裂中期，单个染色体通过复制形成两个完全相同的折叠状细丝 (DNA-蛋白质复合物)，这种细丝称为染色单

体。它们在作为两个子代染色体而分开之前，在未复制的区域相互连结。

### **Chromatin (Nucleohistone) 染色质(核组蛋白)**

从细胞核获得的 DNA 和蛋白质的复合物(脱氧核糖核蛋白)。组蛋白是这种复合物的主要蛋白质。

参看 **Histones 组蛋白**。

### **Chromosome 染色体**

染色体最初是用来描述动植物细胞分裂过程中，细胞核内用显微镜所观察到的、离散而着色很深的小体。它们是 DNA 与蛋白质的复合物(脱氧核糖核蛋白)。目前此名称也应用于原核细胞的遗传物质，例如大肠杆菌的 DNA 就是一条长度 1000 倍于细菌本身的长链，具有紧凑的“染色体”外形，但是显然不含蛋白质。染色体的模型，一般都用不规则折叠的粗细不匀的细丝作各种各样的排列来表示<sup>[20],[24]</sup>。

### **Circular DNA (Cyclic DNA) 环状 DNA**

共价闭合的 DNA 链<sup>[43]</sup>。已知的环状 DNA 既有单链(罕见)又有双链形式<sup>[95]</sup>。环状双链 DNA 存在于许多病毒中，一切已观察过的后生动物的线粒体 DNA 也都属于这种形式<sup>[58],[98],[157]</sup>。形成大肠杆菌染色体的单个环状 DNA 分子( $3 \times 10^6$ 个碱基对)，在复制时从一个固定的原点开始，同时向两个方向进行复制<sup>[7],[78]</sup>。

参看 **Single stranded DNA 单链 DNA 和 Superhelix 超螺旋**。

### **Cistron 顺反子, 作用子**

带着足以决定一个蛋白质的全部组成所需信息的最短 DNA 片段<sup>[6]</sup>。顺反子的核苷酸构成蛋白质合成的功能单位。

一个含有 500 个氨基酸的蛋白质应由 1500 个核苷酸组成的顺反子(即 500 个密码子)所代表。现在作为“基因”的同义词使用。

参看 **Codon** 密码子、**Messenger RNA** 信使 RNA 和 **Polycistronic messenger** 多顺反子信使。

### **Cloverleaf pattern** 三叶草图形

为转移 RNA(tRNA) 分子设想的二维轮廓的描述。由碱基不完全配对的多核苷酸链上的折叠区和突环区组成。

参看 **Transfer RNA** 转移 RNA。

### **Coat protein** 外壳蛋白

包裹着遗传物质(DNA 或 RNA)形成病毒颗粒或噬菌体颗粒的蛋白质层。这种蛋白质可以“识别”寄主细胞，并在其上附着，同时使病毒的多核苷酸得以侵入细胞。在有些病毒中，外壳蛋白由一个基因译码，因而是比较简单的实验材料。1969 年已由 F. Sanger 的小组分离得到了大肠杆菌噬菌体 R17 中一段含 57 个核苷酸的碱基顺序的 RNA 片段，可以为噬菌体外壳蛋白中一段长度为 19 个氨基酸的片段译码。第一个被测定出来的可为一种蛋白质译码的完整基因顺序，来源于大肠杆菌噬菌体 MS2 的 RNA，其中由 49 个密码子，决定着长度为 129 个氨基酸的噬菌体外壳肽链的组成<sup>[80]</sup>。

### **Codegenerate codon** 互简并密码子

参看 **Degenerate code** 简并密码子。

### **Codon** 密码子

一组由三个核苷酸(三核苷酸，三聚体，三联体)按特定的顺序和选择组成的密码。在蛋白质合成中，它们可以为氨基酸编码，或作为翻译过程的某种变化讯号(“标点”)。三核苷