



现代生物学导论

Introduction of Modern Biology

主编 寿天德 副主编 徐耀忠

中国科学技术大学出版社

3
D

Q-137
S/P

Y612P/08

现代生物学导论

Introduction of Modern Biology

主 编 寿天德 副主编 徐耀忠

中国科学技术大学出版社
1998·合肥

图书在版编目(CIP)数据

现代生物学导论/主编 寿天德 副主编 徐耀忠—合肥:中国科学技术大学出版社,1998年4月

ISBN7-312-00912-3

I 现代生物学导论

I 寿天德 等

Ⅲ ①生物学 ②教学参考书

IV Q

凡购买中国科大版图书,如有白页、缺页、倒页者,由本社出版部负责调换。

中国科学技术大学出版社出版发行

(安徽省合肥市金寨路96号,230026)

中国科学技术大学印刷厂印刷

全国新华书店经销

开本:787×1092/16 印张:22 字数:530千

1998年4月第1版 1998年4月第1次印刷

印数:1—3 000册

ISBN7-312-00912-3/Q·17 定价:20.00元

内 容 简 介

本书是为非生物专业的理科大学本科生撰写的现代生物学教科书，书中反映了最新的生物学教学与科研成果，吸收了广大生物专业教师的丰富教学经验。全书共分三篇 20 章，着重介绍了生化与分子生物学、细胞生物学与神经生物学、蛋白质和核酸分子的结构与功能及其相互作用等方面的基本理论，从基因、蛋白质的遗传信息调控到生物技术与认知神经科学等，力图全面地反映出近三十年以来现代生物学的发展。

本书可作为非生物专业大学理科本科生的教学参考书，同时也可作为工科、医学、农学和人文科学大学本科学生的选修教材。对于医、卫、药各大专院校的教学人员和从事生物科学、科普工作的科技人员也有一定的参考价值。

前 言

21 世纪自然科学的主导科学将是生命科学,这已是本世纪末众多科学家的共识。生命科学发展中不断涌现出来的激动人心的新发现、新成就不断地更新着人们对自然界最复杂的生命现象的认识,同时又深刻地改变着我们的社会生产和社会生活,乃至影响着人类文明的发展。站在这世纪交接的门槛边的大学本科理工科学生,如果对现代生物学的发展缺乏了解,这将是他们知识结构中的极大缺陷,他们将可能被排斥在下世纪蓬勃发展的生命科学及其交叉学科之外,而生命科学也召唤着具有不同科学知识背景的年轻人。

基于上述考虑,中国科学技术大学自 1994 年开始为非生物专业本科生开设了现代生物学概论课程,在非生物专业学生中普及现代生物学知识,受到了广大学生的热烈欢迎,学生报名选课的热情极高。国家教委对此举十分重视,次年将其列为教学改革计划,并拨款支持。本书便是四年来教学实践的产物。

现代生物学发展十分迅速,新发现、新成果层出不穷,要在有限篇幅和时间内涉及所有方面是不可能的,因此本书不求完整全面,只求比较适时地将现代生物学发展的概貌以粗线条的方式介绍给同学们,更深更详细的方面可由同学们根据每章之后所列的参考文献或参考书去深入学习、钻研。

本书共分三篇 20 章。第一篇生物化学与分子生物学,由徐卫华(第 2,3 章)、牛立文(第 1,4,5,6 章)和施蕴渝(第 7,8 章)编写;第二篇细胞生物学由顾月华(第 1 章)、鲁润龙(第 2 章)、徐卫华(第 3,4 章)和刘兢(第 5 章)编写;第三篇神经生物学由寿天德(第 1,2 章)、阮迪云(第 3,7 章)、徐耀忠(第 4,5 章)和张达人(第 6 章)编写。

在教学实践中,学生迫切需要尽早有一本教材供他们使用。我们在时间紧迫、水平有限和经验不足的情况下编写的这本教材,错误和疏漏在所难免,诚恳希望各位同行和广大读者予以批评指正,以便今后再版时修订。

编 者

1997 年 12 月

于中国科学技术大学

目 次

前 言	(1)
第一篇 生物化学与分子生物学	
第一章 蛋白质分子的结构层次	(3)
1.1 蛋白质是多肽链	(3)
1.1.1 氨基酸是构成蛋白质的基本化学成分	(3)
1.1.2 多肽链的形成和主链构象角	(3)
1.1.3 氨基酸侧链可为蛋白质构象稳定和发挥提供结构基础	(4)
1.2 蛋白质分子的二级结构	(4)
1.2.1 水溶性蛋白质分子内部的疏水性	(4)
1.2.2 α -螺旋	(5)
1.2.3 β -回折	(7)
1.2.4 蛋白质分子表面的环区域	(7)
1.3 蛋白质分子的超二级结构	(8)
1.3.1 α -环- α 花样	(8)
1.3.2 发夹 β 花样(β -环- β 花样)	(8)
1.3.3 希腊图案花样	(9)
1.3.4 β - α - β 花样	(9)
1.4 蛋白质分子的结构域与三级结构	(10)
1.4.1 结构域是蛋白质三级结构的基本结构单位和功能单位	(10)
1.4.2 蛋白质结构域和三级结构的分类	(10)
1.4.3 α 型结构域结构	(11)
1.4.4 β 型结构域结构	(11)
1.4.5 α/β 型结构域结构	(13)
第二章 遗传物质—DNA	(16)
2.1 信息贮藏库—DNA	(16)
2.1.1 DNA 的发现	(16)
2.1.2 DNA、RNA 的组成与结构	(17)
2.2 DNA 的复制	(20)
2.2.1 DNA 半保留复制	(20)
2.2.2 半保留复制的证明	(21)
2.2.3 复制的起始和终止	(22)
2.2.4 DNA 复制类型	(23)
2.2.5 DNA 复制的相关酶类和蛋白因子	(24)
第三章 从基因到蛋白质	(28)
3.1 DNA 转录	(28)
3.1.1 转录的一般特征	(28)
3.1.2 转录的相关问题	(29)

3.1.3	转录后的加工、修饰	(32)
3.2	遗传密码	(34)
3.2.1	遗传密码的提出	(34)
3.2.2	遗传密码的解读	(35)
3.2.3	密码子的特点	(35)
3.3	蛋白质的生物合成	(36)
3.3.1	蛋白质合成反应的主要元件	(36)
3.3.2	蛋白质合成的三大步骤	(38)
3.3.3	蛋白质合成的转运及加工	(39)
3.4	基因表达的调控	(41)
3.4.1	乳糖操纵子模型	(41)
3.4.2	Britten—Davidson	(42)
第四章	病毒结构	(44)
4.1	引言	(44)
4.2	球状病毒外壳蛋白的二十面体对称结构	(45)
4.3	细小 RNA 病毒的结构和亚基折叠	(46)
4.4	基于病毒三维结构的药物设计	(48)
第五章	蛋白质—核酸相互作用	(50)
5.1	蛋白质—核酸相互作用的一般考虑	(50)
5.1.1	引言	(50)
5.1.2	两独立单元(氨基酸和核苷酸)间的相互作用	(50)
5.1.3	Watson—Crick 碱基对和氨基酸残基侧链间的相互作用	(50)
5.1.4	核酸双螺旋和蛋白质反平行 β -回折间的相互作用	(51)
5.1.5	核酸双螺旋与蛋白质 α -螺旋的相互作用	(51)
5.1.6	蛋白质—核酸相互作用和识别的特性	(51)
5.2	原核生物中的基因调控蛋白	(52)
5.2.1	DNA 结合花样(α -环— α 花样)	(52)
5.2.2	复合物中的扭曲 B-DNA 构象	(52)
5.2.3	DNA 结合的别构调控	(54)
5.3	真核生物转录因子	(55)
5.3.1	转录因子可与 DNA 结合并控制结构基因转录启动	(55)
5.3.2	锌指	(56)
5.3.3	螺旋—环—螺旋	(58)
5.3.4	亮氨酸拉链	(59)
第六章	X 射线晶体学方法在结构生物学中的应用	(61)
6.1	引言	(61)
6.2	蛋白质分子的结晶	(61)
6.3	晶体衍射数据的记录	(62)
6.4	相位问题	(63)

6.5	结构模型的构建、修正和误差分析	(64)
第七章	多维核磁共振波谱及其在结构生物学中的应用	(65)
7.1	引言	(65)
7.2	核磁共振波谱的基本原理	(66)
7.2.1	核磁共振(Nuclear Magnetic Resonance, 简称为 NMR)	(66)
7.2.2	核磁共振波谱的几种主要参数	(66)
7.3	脉冲傅里叶变换核磁共振(FT-NMR)	(67)
7.4	核磁共振的经典模型及 Bloch 方程	(67)
7.5	多维核磁共振的基本概念	(69)
7.6	二维核磁共振波谱的基本原理	(70)
7.6.1	同核化学位移相关谱(COSY)谱	(71)
7.6.2	双量子滤波的 COSY 谱(DQF-COSY)	(73)
7.6.3	总相关谱(TOCSY)及 HOHAHA 谱	(73)
7.6.4	核欧沃豪斯效应增强谱(NOESY)	(74)
7.7	用二维核磁共振波谱测定蛋白质的空间结构	(76)
7.7.1	残基自旋系统的认证	(77)
7.7.2	通过 ¹ H- ¹ H 间欧沃豪斯效应的顺序认证	(82)
7.7.3	确定二结构单元	(84)
7.8	三维及四维 NMR 实验	(87)
7.8.1	自旋系统的认证	(91)
7.8.2	顺序识别	(92)
7.8.3	通过 3D 和 4D 异核编辑的 NOESY, 得到长程 NOE 联结	(93)
第八章	生物分子的计算机模拟和结构、动力学、热力学与功能关系的研究	(94)
8.1	引言	(94)
8.2	分子力场	(95)
8.3	能量极小化	(96)
8.4	分子动力学模拟(Molecular Dynamics Simulation, 简称 MD) 和随机动力学模拟(Stochastic Dynamics Simulation, 简称 SD)	(98)
8.5	MD 中解方程的数值积分	(99)
8.6	边界条件的处理	(100)
8.6.1	真空边界条件	(100)
8.6.2	扩展壁区域边界条件(Extended Wall Region Boundary Condition)	(100)
8.6.3	周期性边界条件	(100)
8.7	约束	(102)
8.8	恒温及恒压条件下分子动力学模拟	(104)
8.8.1	恒温条件下的分子动力学模拟	(104)
8.8.2	恒压条件下分子动力学模拟	(105)
8.9	自由能和熵的计算机模拟	(106)

8.9.1	微扰法	(108)
8.9.2	热力学积分法	(108)
8.10	量子动力学模拟	(111)
8.10.1	将量子力学(QM)势和经典力学(MM)势相结合	(111)
8.10.2	路径积分分子动力学模拟	(112)

第二篇 细胞生物学

第一章	细胞的结构与功能	(121)
1.1	细胞世界	(121)
1.1.1	细胞的基本概念	(121)
1.1.2	细胞的种类	(124)
1.1.3	如何研究细胞	(128)
1.2	生物膜系统	(130)
1.2.1	细胞质膜	(130)
1.2.2	细胞内膜系统	(137)
1.2.3	细胞能量内膜性细胞器	(142)
1.3	细胞骨架	(149)
1.3.1	微管	(150)
1.3.2	微丝	(153)
1.3.3	中间纤维	(157)
1.4	细胞核与染色体	(159)
1.4.1	核被膜和核孔复合体	(159)
1.4.2	染色质和染色体	(160)
1.4.3	核仁	(164)
1.4.4	核基质	(164)
第二章	细胞增殖	(166)
2.1	细胞周期	(167)
2.1.1	细胞周期的发现	(167)
2.1.2	细胞周期和细胞类群	(167)
2.1.3	细胞周期各时相的动态	(168)
2.2	细胞癌变及其细胞周期	(173)
2.2.1	细胞癌变的特点	(173)
2.2.2	肿瘤细胞周期	(173)
2.3	细胞周期的调控因子	(173)
2.3.1	P34+{cdc2}激酶的结构	(175)
2.3.2	P34+{cdc2}激酶的生物学作用	(176)
2.4	CDK的调节原理	(178)
2.4.1	CDK催化亚单位	(179)
2.4.2	细胞周期进程中的CDK的调节	(179)
第三章	细胞分化	(184)

3.1	胚胎发生	(184)
3.1.1	配子的发生	(184)
3.1.2	受精过程	(185)
3.1.3	胚胎发生	(186)
3.2	胚胎细胞的分化	(186)
3.2.1	原肠胚的形成	(186)
3.2.2	细胞分化的可能性与决定	(187)
3.2.3	分化过程中的位置信息	(188)
3.2.4	胚胎诱导对细胞分化的作用	(188)
3.2.5	发育的时序	(190)
3.2.6	激素对细胞分化的作用	(190)
3.2.7	细胞分化与基因表达	(191)
第四章	细胞衰老、死亡与癌变	(194)
4.1	细胞的衰老与死亡	(194)
4.1.1	衰老的概念	(194)
4.1.2	细胞衰老的一般特征	(195)
4.1.3	细胞衰老的机理	(195)
4.2	细胞癌变	(197)
4.2.1	癌细胞的特征	(197)
4.2.2	致癌因子	(197)
4.2.3	癌基因学说	(198)
4.2.4	癌基因与信息传递	(198)
4.2.5	病毒癌基因	(199)
4.2.6	v-onc 和 c-onc 结构和功能的差别	(199)
4.2.7	细胞癌基因的激活	(200)
4.2.8	癌基因的分类	(200)
第五章	生物技术	(203)
5.1	DNA 重组技术	(203)
5.1.1	DNA 重组技术建立的基础	(203)
5.1.2	基因工程的操作原理及步骤	(208)
5.1.3	基因工程技术的应用	(212)
5.1.4	蛋白质工程	(214)
5.2	单克隆抗体杂交瘤技术	(215)
5.2.1	单克隆抗体技术产生的理论基础	(215)
5.2.2	细胞融合与杂交瘤技术的产生	(217)
5.2.3	单克隆抗体制备原理和方法	(218)
5.2.4	单克隆抗体的应用	(220)
5.2.5	单克隆抗体技术的展望	(220)
5.3	植物生物技术	(223)

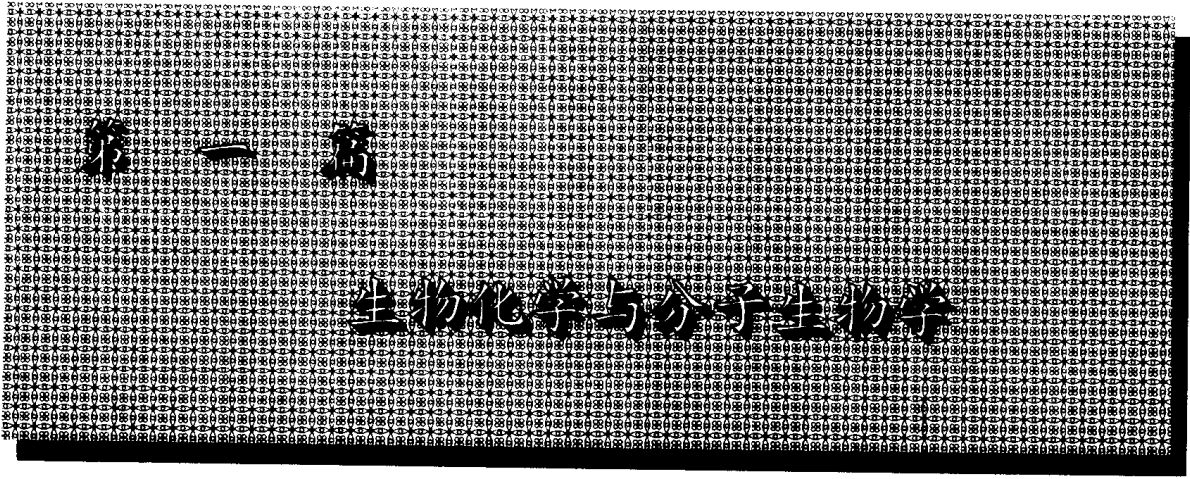
5.3.1	植物组织细胞培养技术	(223)
5.3.2	植物细胞融合技术	(223)
5.3.3	植物基因工程	(224)

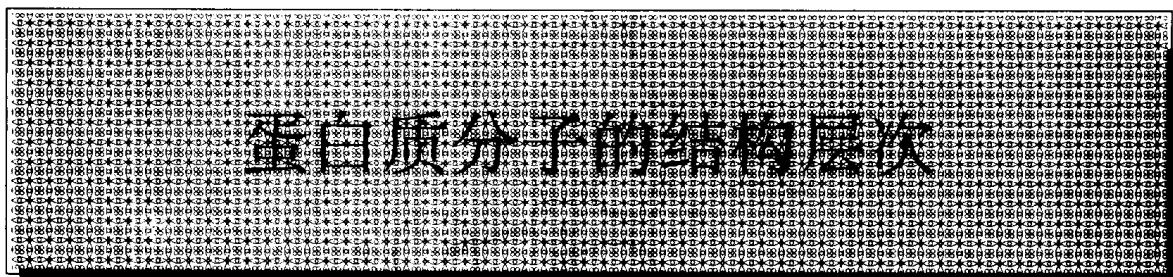
第三篇 神经生物学

第一章	神经科学的新世纪	(227)
1.1	什么是神经科学	(227)
1.2	神经科学的任务	(228)
1.3	神经科学所取得的巨大进展	(231)
1.3.1	分子和细胞水平的神经科学发展迅猛	(231)
1.3.2	感觉信息加工的重大突破——视觉的脑机制	(236)
1.3.3	神经网络的研究进入新的高潮	(239)
1.3.4	发育神经生物学的崛起	(240)
1.3.5	神经和精神疾病的研究进展惊人	(242)
1.3.6	整体的和无创伤条件下的研究	(244)
1.4	展望神经科学的新世纪	(245)
第二章	神经系统信息处理机制——以视觉系统为例	(248)
2.1	视觉系统的形态结构	(248)
2.1.1	视觉通路	(248)
2.1.2	视网膜(retina)	(249)
2.1.3	外膝体核(LGN)	(250)
2.1.4	视皮层	(251)
2.2	视网膜内的视觉信息处理	(252)
2.3	外膝体(核)在视觉平行处理中的作用	(256)
2.3.1	外膝体神经元的感受野性质	(256)
2.3.2	外膝体在视觉平行处理中的作用	(256)
2.4	视皮层细胞的性质和分类	(260)
2.5	视皮层的功能组织——视觉功能柱	(261)
2.5.1	方位功能柱(orientation functional column)	(261)
2.5.2	眼优势功能柱(ocular dominance column)	(262)
2.6	17、18 区内形状、颜色、运动和深度视觉的平行处理	(262)
2.6.1	细胞色素氧化酶染色方法引起的新发现	(262)
2.6.2	Livingstone 和 Hubel 的贡献	(264)
2.7	更高级的视皮层区域	(265)
2.7.1	运动分析	(268)
2.7.2	形状和颜色分析	(268)
第三章	神经系统的发育和神经元连接的可塑性	(270)
3.1	神经系统的发育	(270)
3.1.1	神经系统的发育和分化	(270)
3.1.2	细胞生长因子	(271)

3.1.3	神经元连接的特异性	(272)
3.2	神经元连接的可塑性	(274)
3.2.1	神经的再生和侧枝发芽	(274)
3.2.2	经验对神经发育的影响	(275)
3.2.3	神经元与靶细胞之间的相互作用	(276)
第四章	中枢神经系统	(279)
4.1	脊髓	(279)
4.1.1	脊髓的外形	(279)
4.1.2	脊髓的内部结构	(279)
4.1.3	脊髓的功能	(281)
4.2	脑	(281)
4.2.1	脑干	(281)
4.2.2	间脑	(283)
4.2.3	小脑	(283)
4.2.4	大脑	(284)
第五章	脑的学习和记忆的功能	(288)
5.1	学习和记忆的定义	(288)
5.1.1	学习的类型	(288)
5.1.2	记忆	(289)
5.2	学习记忆在大脑中的重要部位之一:海马	(289)
5.2.1	海马	(289)
5.2.2	海马 LTP 可能是学习记忆的分子基础	(291)
5.2.3	NMDA 受体通道复合体依赖的 LTP	(293)
5.2.4	非 NMDA 受体通道复合体依赖的 LTP	(294)
5.2.5	逆行信使理论	(294)
5.3	哺乳动物视皮层的长时程增强效应	(296)
5.3.1	视皮层的 LTP	(296)
5.3.2	LTP 产生的关键时期	(298)
5.3.3	视皮层的和海马的 LTP 的比较	(298)
5.3.4	视皮层 NMDA 受体和 LTP	(298)
5.3.5	LTP 与低阈值 Ca^{2+} 通道 (low-threshold Ca^{2+} channels. LTCs)	(299)
第六章	认知神经科学	(300)
6.1	认知神经科学和心理学	(300)
6.1.1	了解人类自身	(300)
6.1.2	为医学服务	(301)
6.1.3	为高技术的发展提供好的思路	(301)
6.2	视觉	(303)
6.2.1	视知觉的恒常性	(303)
6.2.2	视觉识别的三种模型	(305)

6.2.3	整体和局部	(306)
6.2.4	Marr 的视觉计算理论	(307)
6.2.5	RBC 理论	(308)
6.2.6	并行的视觉系统和模块	(308)
6.3	选择性注意和视觉忽略症	(309)
6.3.1	注意是什么	(309)
6.3.2	注意研究中的新方法和新发现	(309)
6.3.3	Stroop 效应	(310)
6.3.4	依据目标位置的选择	(310)
6.3.5	负启动的反转和注意的功能	(311)
6.3.6	视觉忽略症与注意的神经机制	(311)
6.4	学习和记忆	(312)
6.4.1	学习	(312)
6.4.2	记忆	(312)
6.4.3	短期记忆和工作记忆	(313)
6.4.4	健忘症和多重记忆	(313)
6.5	语言	(314)
6.5.1	语言学	(315)
6.5.2	语言的功能	(315)
6.5.3	语言和脑	(315)
6.5.4	字母和单词的识别及其 PDP 模型	(315)
6.6	认知神经科学的新时代	(316)
6.6.1	新问题	(316)
6.6.2	人脑与计算机——智能的本质	(319)
6.6.3	认知神经科学的新方向	(320)
第七章	环境和神经科学	(323)
7.1	环境对人类健康的影响	(323)
7.1.1	环境对健康和疾病的影响	(323)
7.1.2	环境污染对人类健康的危害	(324)
7.2	神经毒理学	(327)
7.2.1	神经毒理学的定义和分类	(327)
7.2.2	神经毒物的种类和来源	(328)
7.2.3	研究神经毒理学的方法	(328)
7.2.4	神经性毒物的作用特点	(329)
7.2.5	神经性毒物作用的细胞和分子机制	(330)
7.3	脑损伤与脑疾病	(333)
7.3.1	脑损伤的分子机制	(333)
7.3.2	脑损伤的修复	(335)
7.3.3	几种脑疾病	(336)





1.1 蛋白质是多肽链

1.1.1 氨基酸是构成蛋白质的基本化学成分

有 20 种由遗传密码所决定的标准氨基酸,根据侧链的化学性质,可分为疏水氨基酸[Ala(A), Val(V), Leu(L), Ile(I), Phe(F), Pro(P)和 Met(M)],带电氨基酸[Asp(D), Glu(E), Lys(K)和 Arg(R)],极性氨基酸[Ser(S), Thr(T), Cys(C), Asn(N), Gln(Q), His(H), Tyr(Y)和 Trp(W)]以及侧链仅有一个氢原子的甘氨酸[Gly(G)]。除甘氨酸无绝对构型外,其它氨基酸都是手性分子。天然状态下的蛋白质生物合成仅利用 L 型氨基酸。在特殊情况下还存在着一些经过酶修饰的特殊氨基酸。

1.1.2 多肽链的形成和主链构象角

在蛋白质生物合成过程中,一个氨基酸的羧基与另一个氨基酸的氨基脱水缩合形成肽键,此反应在肽链的形成过程中不断重复。肽链的顺序方向定义为从氨基端到羧基端的方向。肽链的每个氨基酸残基均由侧链原子和主链原子构成。主链原子包括一个与侧链相连的 $C\alpha$ 原子、两个分别与 $C\alpha$ 原子相连的 NH 基团和 $C=O$ 基团。

肽链可分为若干个肽单位,即从一个 $C\alpha$ 原子到相邻的下一个 $C\alpha$ 原子为一个肽单位。除了第一和最后一个 $C\alpha$ 原子外,每一个 $C\alpha$ 原子均属于两个这样的肽单位。肽单位中的所有主链原子都处于一个称之为肽平面的平面内,而且键长键角等立体化学参数在每个肽单位中都是相同的。侧链原子不包括在肽平面中。由于肽键具有部分双键的性质,无转动自由度,故每个肽单位仅能绕两个键转动,即 $C\alpha-C$ 和 $N-C\alpha$ 键。绕 $N-C\alpha$ 键转动的角称为 φ 角,绕 $C\alpha-C$ 转动的角称为 ψ 角,二者均为主链构象角(图 1.1)。当每一个氨基酸残基的 φ 和 ψ 角确定以后,主链的构象也就随之确定。

由于立体化学的限制,一个氨基酸残基的 φ 角和 ψ 角的任意组合是不允许的。以 ψ 角对 φ 角作图,称为 Ramachandran 图。侧链仅有一个氢原子的甘氨酸残基比其它氨基酸残基可拥有更大范围的构象角,从而允许在蛋白质中产生不寻常的主链构象,这就是为什么在同源蛋白质氨基酸残基序列中,甘氨酸残基往往是较为保守的原因之一。

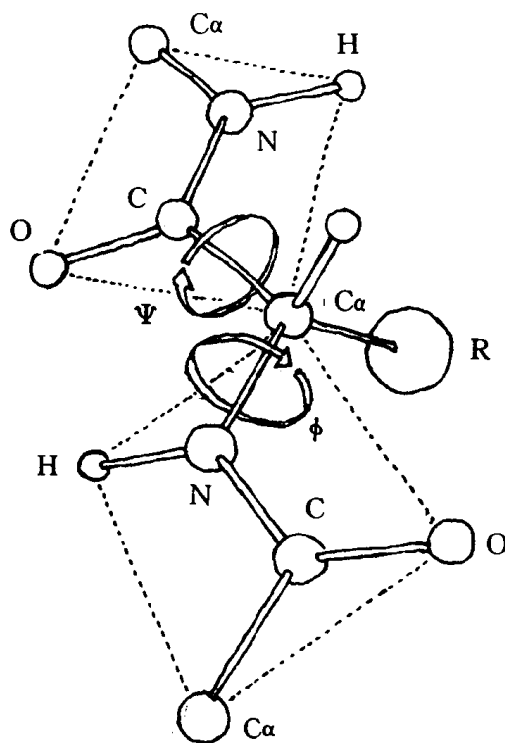


图 1.1 蛋白质多肽链的主链及构象角

1.1.3 氨基酸侧链可为蛋白质构象稳定和功能发挥提供结构基础

两个位于肽链不同部分的半胱氨酸(Cys),如果彼此在空间上互相靠近,则有可能被氧化形成二硫桥。这种反应需要一个氧化环境,二硫桥通常不能存在于胞内蛋白中,因为胞内蛋白主要处于还原状态。但二硫桥在胞外蛋白中则频繁出现,在真核生物中这种二硫桥的形成发生于内质网的腔中。二硫桥可稳定蛋白质的三维结构。在一些蛋白质中,这些二硫桥可把不同的肽链连接在一起形成稳定的三维结构,例如胰岛素的 A 链和 B 链即依靠两个二硫键相连接。更通常的情况是分子内的二硫桥稳定单个多肽链的折叠,使蛋白质分子不易被降解。对于许多蛋白质和酶,人们可以通过定向突变技术引入二硫键的方法,使这些蛋白质和酶更稳定,以利于工业化的应用,例如对一些医药、食品等工业所应用的催化酶进行改造,提高酶活力和热稳定性等。

疏水性氨基酸残基的侧链可贡献于形成蛋白质分子的疏水内核及某些蛋白质分子表面间的疏水相互作用。若带有相反电荷的侧链在空间上靠近处于合适的距离,往往较易形成盐桥,可稳定蛋白质的三维结构。带电荷的残基和极性残基对于蛋白质功能的发挥往往是必需的。

1.2 蛋白质分子的二级结构

1.2.1 水溶性蛋白质分子内部的疏水性

DNA 的信息储存和转换主要是线性的,因此 DNA 分子的结构较简单。蛋白质在细胞中