

《生物化学》——名词解释大全

氨基酸 (**amino acids**):

是含有一个碱性氨基和一个酸性羧基的有机化合物,氨基一般连接在 α -碳上。氨基酸是肽和蛋白质的构件分子。

必需氨基酸 (**essential amino acids**):

指人(或其它脊椎动物)自己不能合成,需要从饮食中获得的氨基酸,例如赖氨酸、苏氨酸等氨基酸。

非必需氨基酸 (**nonessential amino acids**):

指人(或其它脊椎动物)自己能由简单的前体合成的,不需要由饮食供给的氨基酸,例如甘氨酸、丙氨酸等氨基酸。

等电点 (**pI, isoelectric point**):

使分子处于兼性分子状态,在电场中不迁移(分子的净电荷为零)的 pH 值。

茚三酮反应 (**ninhydrin reaction**):

在加热条件下,氨基酸或肽与茚三酮反应生成紫色(与脯氨酸反应生成黄色)化合物的反应。

肽键 (**peptide bond**):

一个氨基酸的羧基与另一个氨基酸的氨基缩合,除去一分子水形成的酰胺键。

肽 (**peptides**):

两个或两个以上氨基酸通过肽键共价连接形成的聚合物。

蛋白质一级结构(**primary structure**):

指蛋白质中共价连接的氨基酸残基的排列顺序。

层析(chromatography):

按照在移动相（可以是气体或液体）和固定相（可以是液体或固体）之间的分配比例将混合成分分离的技术。

离子交换层析(ion-exchange column chromatography):

使用带有固定的带电基团的聚合树脂或凝胶层析柱分离离子化化合物的层析方法。

透析 (dialysis):

通过小分子经半透膜扩散到水（或缓冲液）的原理将小分子与生物大分子分开的一种分离纯化技术。

凝胶过滤层析(gel filtration chromatography):

也叫做分子排阻层析（molecular-exclusion chromatography）。一种利用带孔凝胶珠作基质，按照分子大小分离蛋白质或其它分子混合物的层析技术。

亲和层析 (affinity chromatography):

利用共价连接有特异配体的层析介质分离蛋白质混合物中能特异结合配体的目的蛋白或其它分子的层析技术。

高压液相层析 (HPLC, high-pressure liquid chromatography):

使用颗粒极细的介质，在高压下分离蛋白质或其它分子混合物的层析技术。

凝胶电泳 (gel electrophoresis):

以凝胶为介质，在电场作用下分离蛋白质或核酸等分子的分离纯

化技术。

SDS-聚丙烯酰胺凝胶电泳：

(SDS-PAGE , sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide gel electrophoresis)

在有去污剂十二烷基硫酸钠存在下的聚丙烯酰胺凝胶电泳。
SDS-PAGE 只是按照分子大小分离的，而不是根据分子所带的电荷和大小分离的。

等电聚焦电泳 (IFE, isoelectric focusing electrophoresis)：

利用特殊的一种缓冲液（两性电解质）在聚丙烯酰胺凝胶内制造一个 pH 梯度，电泳时每种蛋白质就将迁移到它的等电点（pI）处，即梯度中的某一 pH 时，就不再带有净的正或负电荷了。

双向电泳 (two-dimensional electrophoresis)：

是等电聚焦电泳和 SDS-PAGE 的组合，即先进行等电聚焦电泳（按照 pI 分离），然后再进行 SDS-PAGE（按照分子大小），经染色得到的电泳图是个二维分布的蛋白质图。

Edman 降解(Edman degradation)：

从多肽链游离的 N 末端测定氨基酸残基的序列的过程。N 末端氨基酸残基被苯异硫氰酸酯修饰，然后从多肽链上切下修饰的残基，再经层析鉴定，余下的多肽链（少了一个残基）被回收再进行下一轮降解循环。

同源蛋白质 (homologous proteins)：

来自不同种类生物、而序列和功能类似的蛋白质。例如血红蛋白。

构型 (configuration):

一个有机分子中各个原子特有的固定的空间排列。这种排列不经过共价键的断裂和重新形成是不会改变的。构型的改变往往使分子的光学活性发生变化。

构象 (conformation):

指一个分子中, 不改变共价键结构, 仅单键周围的原子旋转所产生的原子的空间排布。一种构象改变为另一种构象时, 不要求共价键的断裂和重新形成。构象改变不会改变分子的光学活性。

肽单位 (peptide unit):

又称之肽基 (peptide group), 是肽链主链上的重复结构。是由参与肽键形成的氮原子和碳原子和它们的 4 个取代成分: 羰基氧原子、酰胺氢原子和两个相邻的 α -碳原子组成的一个平面单位。

蛋白质二级结构 (protein secondary structure):

在蛋白质分子中的局部区域内氨基酸残基的有规则的排列, 常见的二级结构有 α -螺旋和 β -折叠。二级结构是通过骨架上的羰基和酰胺基团之间形成的氢键维持的。

蛋白质三级结构 (protein tertiary structure):

蛋白质分子处于它的天然折叠状态的三维构象。三级结构是在二级结构的基础上进一步盘绕、折叠形成的。三级结构主要是靠氨基酸侧链之间的疏水相互作用、氢键范德华力和盐键 (静电作用力) 维持的。

蛋白质四级结构 (quaternary structure):

多亚基蛋白质的三维结构。实际上是具有三级结构的多肽链（亚基）以适当方式聚合所呈现出的三维结构。

α -螺旋(α -helix):

蛋白质中常见的一种二级结构，肽链主链绕假想的中心轴盘绕成螺旋状，一般都是右手螺旋结构，螺旋是靠链内氢键维持的。每个氨基酸残基（第 n 个）的羰基氧与多肽链 C 端方向的第 4 个残基（第 $n+4$ 个）的酰胺氮形成氢键。在典型的右手 α -螺旋结构中，螺距为 0.54nm，每一圈含有 3.6 个氨基酸残基，每个残基沿着螺旋的长轴上升 0.15nm。

β -折叠(β -sheet):

是蛋白质中的常见的二级结构，是由伸展的多肽链组成的。折叠片的构象是通过一个肽键的羰基氧和位于同一个肽链或相邻肽链的另一个酰胺氢之间形成的氢键维持的。氢键几乎都垂直伸展的肽链，这些肽链可以是平行排列（走向都是由 N 到 C 方向）；或者是反平行排列（肽链反向排列）。

β -转角 (β -turn) :

也是多肽链中常见的二级结构，连接蛋白质分子中的二级结构（ α -螺旋和 β -折叠），使肽链走向改变的一种非重复多肽区，一般含有 2~16 个氨基酸残基。含有 5 个氨基酸残基以上的转角又常称之为环（loops）。常见的转角含有 4 个氨基酸残基，有两种类型。转角 I 的特点是：第 1 个氨基酸残基羰基氧与第 4 个残基的酰胺氮之间形成氢键；转角 II 的第 3 个残基往往是甘氨酸。这两种转角中的第 2

个残基大都是脯氨酸。

超二级结构 (super-secondary structure):

也称之基元 (motif)。在蛋白质中，特别是球蛋白中，经常可以看到由若干相邻的二级结构单元组合在一起，彼此相互作用，形成的有规则、在空间上能辨认的二级结构组合体。

结构域(domain):

在蛋白质三级结构内的独立折叠单元。结构域通常都是几个超二级结构单元的组合。

纤维蛋白(fibrous proteins):

一类主要的不溶于水的蛋白质，通常都含有呈现相同二级结构的多肽链。许多纤维蛋白结合紧密，并为单个细胞或整个生物体提供机械强度，起着保护或结构上的作用。

球蛋白(globular proteins):

一类蛋白质，许多都溶于水，球蛋白是紧凑的、近似球形的、含有折叠紧密的多肽链。典型的球蛋白含有能特异识别和结合其它化合物的凹陷或裂隙部位。

角蛋白 (keratins):

由处于 α -螺旋或 β -折叠构象的平行的多肽链组成的不溶于水的起着保护或结构作用的蛋白质。

胶原 (蛋白) (collagen):

是动物结缔组织中最丰富的一种结构蛋白，它是由原胶原蛋白分子组成，原胶原蛋白是一种具有右手超螺旋结构的蛋白。每个原胶原

分子都是由 3 条特殊的左手螺旋（螺距 0.95nm，每一圈含有 3.3 个残基）的多肽链右手旋转形成的。

疏水相互作用(hydrophobic interaction):

非极性分子之间的一种弱的、非共价的相互作用。这些非极性分子（如一些中性氨基酸残基，也称之疏水残基）在水相环境中具有避开水而相互聚集的倾向。

伴娘蛋白（chaperone）:

与一种新合成的多肽链形成复合物并协助它正确折叠成具有生物功能构象的蛋白质。伴娘蛋白可以防止不正确折叠中间体的形成和没有组装的蛋白亚基的不正确的聚集，协助多肽链跨膜转运以及大的多亚基蛋白质的组装和解体。

二硫键（disulfide bond）:

通过两个（半胱氨酸）巯基的氧化形成的共价键。二硫键在稳定某些蛋白的三维结构上起着重要的作用。

范德华力（van der Waals force）:

中性原子之间通过瞬间静电相互作用产生的一种弱的分子之间的力。当两个原子之间的距离为它们的范德华半径之和时，范德华引力最强。强的范德华排斥作用可以防止原子相互靠近。

蛋白质变性（denaturation）:

生物大分子的天然构象遭到破坏导致其生物活性丧失的现象。蛋白质在受到光照、热、有机溶剂以及一些变性剂的作用时，次级键受到破坏，导致天然构象的破坏，使蛋白质的生物活性丧失。

复性 (renaturation):

在一定的条件下, 变性的生物大分子恢复成具有生物活性的天然构象的现象。

肌红蛋白 (myoglobin):

是由一条肽链和一个血红素辅基组成的结合蛋白, 是肌肉内储存氧的蛋白质, 它的氧饱和曲线为双曲线型。

血红蛋白 (hemoglobin):

是由含有血红素辅基的 4 个亚基组成的寡聚蛋白。血红蛋白负责将氧由肺运输到外周组织, 它的氧饱和曲线为 S 型。

波尔效应 (Bohr effect):

CO₂ 浓度的增加降低细胞内的 pH, 引起红细胞内血红蛋白的氧亲和力下降的现象。

别构效应 (allosteric effect):

又称之变构效应。是寡聚蛋白与配基结合改变蛋白质的构象, 导致蛋白质生物活性改变的现象。

镰刀型细胞贫血病 (sickle-cell anemia): 血红蛋白分子遗传缺陷造成的一种疾病, 病人的大部分红细胞呈镰刀状。其特点是病人的血红蛋白 β -亚基 N 端的第 6 个氨基酸残基是缬氨酸, 而不是正常的谷氨酸残基。

酶 (enzyme):

生物催化剂, 除少数 RNA 外几乎都是蛋白质。酶不改变反应的平衡, 只是通过降低活化能加快反应的速度。

全酶 (holoenzyme):

具有催化活性的酶，包括所有的必需的亚基、辅基和其它的辅助因子。

脱辅基酶蛋白 (apoenzyme):

酶中除去催化活性可能需要的有机或无机辅助因子或辅基后的蛋白质部分。

酶活力单位 (U, active unit):

酶活力的度量单位。1961 年国际酶学会议规定：1 个酶活力单位是指在特定条件 (25℃，其它为最适条件) 下，在 1 分钟内能转化 1 微摩尔底物的酶量，或是转化底物中 1 微摩尔的有关基团的酶量。

比活 (specific activity):

每分钟每毫克酶蛋白在 25℃ 下转化的底物的微摩尔数 (μm)。

比活是酶纯度的测量。

活化能 (activation energy):

将一摩尔反应底物中的所有分子由基态转化为过渡态所需要的能量。

活性部位 (active site) :

酶中含有底物结合部位和参与催化底物转化为产物的氨基酸残基的部分。活性部位通常都位于蛋白质的结构域或亚基之间的裂隙或是蛋白质表面的凹陷部位，通常都是由在三维空间上靠得很近的一些氨基酸残基组成的。

酸-碱催化 (acid-base catalysis): 质子转移加速反应的催化作

用。

共价催化 (covalent catalysis):

一个底物或底物的一部分与催化剂形成共价键, 然后被转移给第二个底物。许多酶催化的基团转移反应都是通过共价催化方式进行的。

靠近效应 (proximity effect):

非酶促反应或酶促反应速率的增加是由于活性部位处反应剂有效浓度增大 (底物靠近活性部位) 的结果, 这将导致更频繁地形成过渡态。

初速度(initial velocity):

酶促反应最初阶段底物转化为产物的速度, 这一阶段产物的浓度非常低, 其逆反应可以忽略不计。

米氏方程 (Michaelis-Menten equation) :

表示一个酶促反应的起始速度 (v) 与底物浓度 ($[S]$) 关系的速度方程, $v = V_{\max}[S] / (K_m + [S])$ 。

米氏常数 (Michaelis constant,) (K_m):

对于一个给定反应, 导致酶促反应速度的起始速度 (v_0) 达到最大反应速度 ($V_{\max}$) 一半时的底物浓度。

催化常数 (catalytic number) (K_{cat}) :

也称之为转换数(turnover number)。一个动力学常数, 是在底物浓度处于饱和状态下, 一个酶 (或一个酶活性部位) 催化一个反应有多快的测量。催化常数等于最大反应速度除以总的酶浓度

($V_{\max}/[E]_{\text{total}}$)，或者是每摩尔酶活性部位每秒钟转化为产物的底物的摩尔数。

双倒数作图 (double-reciprocal plot)：

也称之 Lineweaver-Burk 作图。一个酶促反应速度的倒数 ($1/v$) 对底物浓度的倒数 ($1/[s]$) 的作图。X 和 y 轴上的截距分别代表米氏常数 (K_m) 和最大反应速度 ($V_{\max}$) 的倒数。

竞争性抑制作用 (competitive inhibition)：

通过增加底物浓度可以逆转的一种酶抑制类型。一个竞争性抑制剂通常与正常的底物或配体竞争同一个蛋白质的结合部位。这种抑制使得 K_m 增大，而 $V_{\max}$ 不变。

非竞争性抑制作用 (noncompetitive inhibition)：

抑制剂不仅与游离酶结合，也可以与酶-底物复合物结合的一种酶促反应抑制作用。这种抑制使得 $V_{\max}$ 变小，但 K_m 不变。

反竞争性抑制作用 (uncompetitive inhibition)：

抑制剂只与酶-底物复合物结合，而不与游离酶结合的一种酶促反应抑制作用。这种抑制作用使得 $V_{\max}$ ， K_m 都变小，但 $V_{\max}/K_m$ 比值不变。

丝氨酸蛋白酶 (serine protease)：

活性部位含有在催化期间起着亲核体作用的丝氨酸残基的蛋白酶。

酶原 (zymogen)：

通过有限蛋白水解能够由无活性变成具有催化活性的酶前体。

调节酶 (regulatory enzyme):

位于一个或多个代谢途径内的一个关键部位的酶, 它的活性根据代谢的需要被增加或降低。

别构酶 (allosteric enzyme):

一种其活性受到结合在活性部位以外部位的其它分子调节的酶。

别构调节剂 (allosteric modulator) :

结合在别构酶的调节部位调节该酶催化活性的生物分子, 别构调节剂可以是激活剂, 也可以是抑制剂。

齐变模式 (concerted model):

相同配体与寡聚蛋白协同结合的一种模式。按照最简单齐变模式, 由于一个底物或别构调节剂的结合, 蛋白质的构象在 T (对底物亲和性低的构象) 和 R (对底物亲和性高的构象) 之间变换。这一模式提出所有蛋白质的亚基都具有同样的构象, 或是 T, 或是 R 构象。

序变模式 (sequential model):

相同配体与寡聚蛋白协同结合的另外一种模式。按照最简单的序变模式, 一个配体的结合会诱导它结合的亚基的三级结构的变化, 以及使相邻亚基的构象发生很大的变化。按照序变模式, 只有一个亚基对配体具有高的亲和性。

同功酶(isoenzyme 或 isozyme):

催化同一化学反应而化学组成不同的一组酶。它们彼此在氨基酸序列、底物的亲和性等方面都存在着差异。

别构调节物(allosteric modulator):

也称之为别构效应物 (**allosteric effector**)。结合在别构酶的调节部位, 调节酶催化活性的生物分子。别构调节物可以是激活剂或抑制剂

维生素(vitamin):

是一类动物本身不能合成但对动物生长和健康又是必需的有机化合物, 所以必须从饮食中获得。许多辅酶都是由维生素衍生的。

水溶性维生素 (water-soluble vitamins):

一类能溶于水的有机营养分子。其中包括在酶的催化中起着重要作用的 **B 族维生素**以及抗坏血酸 (**维生素 C**) 等。

脂溶性维生素 (lipid vitamins):

由长的碳氢链或稠环组成的聚戊二烯化合物。脂溶性维生素包括 **维生素 A、D、E 和 K**, 这类维生素能被动物贮存。

辅酶 (coenzyme):

某些酶在发挥催化作用时所需要的一类辅助因子, 其成分中往往含有维生素。

辅基(prosthetic group):

是与酶蛋白共价结合的金属离子或一类有机化合物, 用透析法不能除去。辅基在整个酶促反应过程中始终与酶的特定部位结合。

尼克酰胺腺嘌呤二核苷酸和尼克酰胺腺嘌呤二核苷酸磷酸

(**NADP⁺, nicotinamide adenine dinucleotide phosphate**):

含有尼克酰胺的辅酶, 在某些氧化还原反应中起着氢原子和电子载体的作用, 常常作为脱氢酶的辅酶。

黄素单核苷酸 (FMN, flavin mononucleotide):

核黄素磷酸, 是某些氧化还原酶的辅酶。

黄素腺嘌呤二核苷酸 (FAD, flavin adenine dinucleotide):

是某些氧化还原酶的辅酶, 含有核黄素。

硫胺素焦磷酸 (thiamine pyrophosphate): 是维生素 B1 的辅酶形式, 参与转醛基反应。

磷酸吡哆醛 (pyridoxal phosphate):

是维生素 B6 (吡哆醇) 的衍生物, 是转氨酶、脱羧酶和消旋酶的辅酶。

生物素 (biotin): 参与脱羧反应的一种酶的辅助因子。

辅酶 A (coenzyme A): 一种含有泛酸的辅酶, 在某些酶促反应中作为酰基的载体。

类胡萝卜素 (carotenoids): 由异戊二烯组成的脂溶性光合色素。

转氨酶 (transaminases):

也称之为氨基转移酶 (aminotransferases), 在该酶的催化下一个 α -氨基酸的氨基可移给另一个 α -酮酸。

醛糖 (aldoses): 一类单糖, 该单糖中氧化数最高的碳原子 (指定为 C-1) 是个醛基。

酮糖 (ketoses): 一类单糖, 该单糖中氧化数最高的碳原子 (指定为 C-2) 是个酮基。

异头物 (anomers):

仅在氧化数最高的碳原子 (异头碳) 具有不同构型的糖分子的两

种异构体。

异头碳 (anomeric carbon):

一个环化单糖的氧化数最高的碳原子。异头碳具有一个羰基的化学反应性。

变旋 (mutarotation):

一个吡喃糖、呋喃糖或糖苷伴随着它们的 α -和 β -异构形式的平衡而发生的比旋度变化。

单糖 (monosaccharide): 由三个或更多碳原子组成的具有经验公式 $(CH_2O)_n$ 的简单糖。

糖苷 (glycosides):

单糖半缩醛羟基与另一个分子 (例如醇、糖、嘌呤或嘧啶) 的羟基、胺基或巯基缩合形成的含糖衍生物。

糖苷键 (glycosidic bond):

一个糖半缩醛羟基与另一个分子 (例如醇、糖、嘌呤或嘧啶) 的羟基、胺基或巯基之间缩合形成的缩醛或缩酮键, 常见的糖苷键有 O-糖苷键和 N-糖苷键。

寡糖 (oligosaccharide): 由 2 个~20 个单糖残基通过糖苷键连接形成的聚合物。

多糖 (polysaccharide):

20 个以上的单糖通过糖苷键连接形成的聚合物。多糖链可以是线性的或带有分支的。

还原糖 (reducing sugar):

羰基碳（异头碳）没有参与形成糖苷键，因此可被氧化充当还原剂的糖。

淀粉（**starch**）：

一类可作为植物中贮存多糖的葡萄糖残基的同聚物。由两种形式的淀粉：一种是直链淀粉，是没有分支的只是通过 α - (1 $\rightarrow$ 4) 糖苷键连接的葡萄糖残基聚合物。另一种是支链淀粉，是含有分支的 α - (1 $\rightarrow$ 4) 糖苷键连接的葡萄糖残基聚合物，支链在分支点处通过 α - (1 $\rightarrow$ 6) 糖苷键与主链相连。

糖原（**glycogen**）：

是含有分支的 α - (1 $\rightarrow$ 4) 糖苷键连接在一起的葡萄糖的同聚物，支链在分支点处通过 α - (1 $\rightarrow$ 6) 糖苷键与主链相连。

极限糊精（**limit dextrin**）：

是指支链淀粉中带有支链的核心部分，该部分在支链淀粉经淀粉酶水解作用、糖原磷酸化酶或淀粉磷酸化酶作用后仍然存在。糊精的进一步降解需要 α (1 $\rightarrow$ 6) 糖苷键的水解。

肽聚糖（**peptidoglycan**）：

N-乙酰葡萄糖胺和 N-乙酰唾液酸交替连接的杂多糖与不同组成的肽交叉连接形成的大分子。肽聚糖是许多细菌细胞壁的主要成分。

糖蛋白（**glycoprotein**）：含有共价连接的葡萄糖残基的蛋白质。

蛋白聚糖（**proteoglycans**）：

由杂多糖与一个多肽链组成的杂化的大分子，多糖是分子的主要成分。

脂肪酸 (**fatty acid**):

是指一端含有一个羧基的长的脂肪族碳氢链。脂肪酸是最简单的一种脂,它是许多更复杂的脂(例如三脂酰甘油、甘油磷脂、鞘磷脂和蜡)的成分。

饱和脂肪酸 (**saturated fatty acid**): 不含有 -C=C- 双键的脂肪酸。

不饱和脂肪酸 (**unsaturated fatty acid**): 至少含有一个 -C=C- 双键的脂肪酸。

必需脂肪酸 (**essential fatty acids**):

维持哺乳动物正常生长所需的,而动物又不能合成的脂肪酸,例如亚油酸和亚麻酸。

三脂酰甘油 (**triacylglycerol**):

也称之甘油三酯 (**triglyceride**)。一种含有与甘油酯化的 3 个脂酰基的脂。脂肪和油是三脂酰甘油的混合物。

磷脂 (**phospholipid**): 含有磷酸成分的脂。例如卵磷脂、脑磷脂等。

鞘脂 (**sphingolipids**):

一类含有鞘氨醇骨架的两性脂,一端连接着一个长链的脂肪酸,另一端为一个极性的醇。鞘脂包括鞘磷脂、脑磷脂以及神经节苷脂,一般存在于植物和动物膜内,尤其是在中枢神经系统的组织内含量丰富。

鞘磷脂 (**sphingomyelin**):

一种由神经酰胺的 **C-1** 羟基上连接了磷酸胆碱（或磷酸乙醇胺）构成的鞘脂。鞘磷脂存在于大多数哺乳动物细胞的质膜内，是髓鞘的主要成分。

卵磷脂（**lecithin**）:

就是磷脂酰胆碱（**PC, phosphatidyl choline**），是磷脂酸与胆碱形成的酯。

脑磷脂（**cephalin**）:

就是磷脂酰乙醇胺（**PE, phosphatidyl ethanolamine**），是磷脂酸与乙醇胺形成的酯。

脂质体（**liposome**）: 是由包围水相空间的磷脂双层形成的囊泡（小泡）。

生物膜（**biological membrane**）:

镶嵌有蛋白质的脂双层，起着划分和分隔细胞和细胞器的作用。生物膜也是许多与能量转化和细胞内通讯有关的重要部位。

内在膜蛋白（**integral membrane proteins**）:

插入脂双层的疏水核和完全跨越脂双层的膜蛋白。

外周膜蛋白（**peripheral membrane proteins**）:

通过与膜脂的极性头部或内在膜蛋白的离子相互作用和形成氢键与膜的内、外表面弱结合的膜蛋白。膜蛋白一旦从膜上释放出来，通常都是水溶性的。

流体镶嵌模型(**fluid mosaic model**):

针对生物膜的结构提出的一种模型。在这个模型中，生物膜被描

述成镶嵌有蛋白质的流体脂双层，脂双层在结构和功能上都表现出不对称性。有的蛋白质"镶"在脂双层表面，有的则部分或全部嵌入其内部，有的则横跨整个膜。另外脂和膜蛋白都可以进行横向扩散。

通透系数（**permeability coefficient**）：

是离子或小分子扩散过脂双层膜能力的一种量度。

通道蛋白（**channel proteins**）：

是一种带有中央水相通道的内在膜蛋白，它可以使大小合适的离子和分子从膜的任一方向穿过膜。

（膜）孔蛋白（**pore proteins**）：其含义与通道蛋白类似，只是该术语常用于细菌。

被动转运（**passive transport**）：

也称之为易化扩散（**facilitated diffusion**）。是一种转运方式，通过该方式溶质特异结合于一个转运蛋白，然后被转运过膜，但转运是沿着浓度梯度下降方向进行，所以被动转运不需要能量支持。

主动转运（**active transport**）：

一种转运方式，通过该方式溶质特异结合于一个转运蛋白，然后被转运过膜，但与被动转运方式相反转运是逆着浓度梯度方向进行的，所以主动转运需要能量来驱动。在原发主动转运过程中，能源可以是光、**ATP** 或电子传递。而第二级主动转运是在离子浓度梯度驱动下进行的。

协同运送(**cotransport**):

两种不同溶质跨膜的耦联转运。可以通过一个转运蛋白进行同一

方向（同向转运）或反方向（反向转运）转运。

胞吞（作用）（**endocytosis**）：

物质被质膜吞入并以膜衍生出的脂囊泡形式（物质在囊泡内）并被带入到细胞内的过程。

胞吐（作用）（**exocytosis**）：

确定要分泌的物质被包裹在脂囊泡内，该囊泡与质膜融合，然后将物质释放到细胞外空间的过程。

核苷（**nucleoside**）：

是由嘌呤或嘧啶碱基通过共价键与戊糖连接组成的化合物。核糖与碱基一般都是由糖的异头碳与嘧啶的 **N-1** 或嘌呤的 **N-9** 之间形成的 β -**N**-糖苷键连接的。

核苷酸（**nucleotide**）：核苷的戊糖成分中的羟基磷酸化形成的化合物。

cAMP（**cyclic AMP**）：

3',5'-环腺苷酸，细胞内的第二信使，由于某些激素或其它分子信号刺激激活腺苷酸环化酶催化 **ATP** 环化形成的。

磷酸二酯键（**phosphodiester linkage**）：

一种化学基团，指一分子磷酸与两个醇（羟基）酯化形成的两个酯键。该酯键成了两个醇之间的桥梁。例如一个核苷的 **3'** 羟基与另一个核苷的 **5'** 羟基与同一分子磷酸酯化，就形成了一个磷酸二酯键。

脱氧核糖核酸（**DNA** , **deoxyribonucleic acid**）：

含有特殊脱氧核糖核苷酸序列的聚脱氧核苷酸，脱氧核苷酸之间是通过 3′,5′-磷酸二酯键连接的。DNA 是遗传信息的载体。

核糖核酸 (RNA, ribonucleic acid) :

通过 3′,5′-磷酸二酯键连接形成的特殊核糖核苷酸序列的聚核糖核苷酸。

核糖体核糖核酸 (rRNA, ribosomal robonucleic acid):

作为核糖体组成成分的一类 RNA, rRNA 是细胞内最丰富的 RNA。

信使核糖核酸 (mRNA, messenger ribonucleic acid): 一类用作蛋白质合成模板的 RNA。

转移核糖核酸 (tRNA, transfer ribonucleic acid):

一类携带激活氨基酸，将它带到蛋白质合成部位并将氨基酸整合到生长着的肽链上的 RNA。tRNA 含有能识别模板 mRNA 上互补密码的反密码。

转化 (作用) (transformation) :

一个外源 DNA 通过某种途径导入一个宿主菌，引起该细菌的遗传特性改变的作用。

转导 (作用) (transduction) :

借助于病毒载体，遗传信息从一个细胞转移到另一个细胞。

碱基对 (base pair):

通过碱基之间氢键配对的核酸链中的两个核苷酸，例如 A 与 T 或 U，以及 G 与 C 配对。

查格夫法则 (Chargaff's rules):

所有 DNA 中腺嘌呤与胸腺嘧啶的摩尔含量相等，(A=T)，鸟嘌呤和胞嘧啶的摩尔含量相等 (G=C)，即嘌呤的总含量与嘧啶的总含量相等 (A+G=T+C)。DNA 的碱基组成具有种的特异性，但没有组织和器官的特异性。另外生长发育阶段、营养状态和环境的改变都不影响 DNA 的碱基组成。

DNA 双螺旋(DNA double helix):

一种核酸的构象，在该构象中，两条反向平行的多核苷酸链围绕彼此缠绕形成一个右手的双螺旋结构。碱基位于双螺旋内侧，磷酸与糖基在外侧，通过磷酸二酯键相连，形成核酸的骨架。碱基平面与假想的中心轴垂直，糖环平面则与轴平行。两条链皆为右手螺旋。双螺旋的直径为 2nm，碱基堆积距离为 0.34nm，两核苷酸之间的夹角是 36° ，每对螺旋由 10 对碱基组成，碱基按 A-T, G-C 配对互补，彼此以氢键相连系。维持 DNA 双螺旋结构稳定的力主要是碱基堆积力。双螺旋表面有两条宽窄、深浅不一的一个大沟和一个小沟。

大沟(major groove)和小沟(minor groove):

绕 B-DNA 双螺旋表面上出现的螺旋槽（沟），宽的沟称之大沟，窄沟称之小沟。大沟、小沟都是由于碱基对堆积和糖-磷酸骨架扭转造成的。

DNA 超螺旋（DNA supercoiling）：

DNA 本身的卷曲，一般是 DNA 双螺旋的弯曲、欠旋（负超螺旋）或过旋（正超螺旋）的结果。

拓扑异构酶（topoisomerase）：

以上内容仅为本文档的试下载部分，为可阅读页数的一半内容。如要下载或阅读全文，请访问：<https://d.book118.com/338143133103006024>