

·《中国学术期刊文摘》综述文摘选登·

蛋白质结构动力学研究进展

孙卫涛

(清华大学周培源应用数学研究中心, 北京 100084)

蛋白质是生物体赖以存在和生长的重要大分子有机化合物, 由 20 种不同的氨基酸通过肽键连接成线性高分子链, 具有特殊的三维空间结构。蛋白质生物功能与结构动力学特征紧密相关, 不同结构运动模式决定了蛋白质在生化过程中的不同生物功能。给定一种蛋白质的空间结构, 通过建立结构动力学模型, 进而得到蛋白质结构的运动轨迹, 或者将结构整体运动分解为不同频率振动模式的叠加, 能够帮助进一步理解蛋白质生物活性点在配体结合、催化过程中的运动特征。阐述了蛋白质结构动力学研究的最新进展, 分析了 3 种蛋白质结构动力学的物理模型和求解方法, 详细讨论了谐波模型中的原子模态分析、弹性网络模型等动力学方法, 并介绍了蛋白质结构动力学在生物研究领域的应用。蛋白质结构动力学方法的研究和发展表明, 从物理原理和简化模型出发的理论分析方法, 能够为生物学前沿研究提供有力帮助, 是蛋白质折叠和结构预测中的一个重要研究方向。

《力学进展》, 2009, 39(2): 129-153

(文摘检索号: 09160004)

氨基四唑化合物异构和分解反应的研究进展

冯丽娜

(北京理工大学爆炸科学与技术国家重点实验室, 北京 100081)

对氨基四唑的多种分解和异构途径进行了综述, 主要介绍了 5-氨基四唑和 1,5-二氨基四唑异构和分解的国内外研究现状。从目前的研究现状来看, 比较常见的氨基四唑异构体主要有 1-取代-氨基四唑、2-取代-氨基四唑以及 1-取代-亚氨基四唑; 氨基四唑的分解途径主要有两种方式, 一是两处断键开环分解成 RN_3 和 NH_2CN , 另一种为一处断键开环生成叠氮化物, 该叠氮化物再失去一分子 N_2 。第一种分解反应途径位垒较低, 是最可行的分解途径。

《含能材料》, 2009, 17(1): 113-118

(文摘检索号: 09160013)

小 RNA 分子研究进展

沙龙泽

(首都师范大学生命科学院, 北京 100037)

在过去很长的一段时间内, RNA 始终没有得到科学家足够的重视, 直到非编码性小 RNA(non-coding small RNA) 的出现, 使得研究者对 RNA 功能的传统观念发生了惊人的改变。生命体内存在着大量的 miRNA、siRNA 与 piRNA, 它们在不同水平上调节着基因的表达, 影响生命活动, 另外一些较长的非编码 RNA 广泛地参与到细胞内不同的生化过程中, 发挥重要作用。随着小分子 RNA 的发现至今, RNA 的研究领域进入炙手可热的状态, RNAi 的机制在一步步被完善与深化, 更多新类型的小分子 RNA 被发现, 在应用方面, siRNA 已经成为分子生物学实验中一种简单而有效的基因沉默工具, 并且在人类疾病治疗方面初有成效。

《生物学通报》, 2009, 44(1): 1-5

(文摘检索号: 09160019)

泛素-蛋白酶体与心血管疾病研究新进展

张晓伟

(哈尔滨医科大学附属第一医院心内科, 哈尔滨 150001)

泛素-蛋白酶体(ubiquitin-proteasome system, UPS)途径是细胞内蛋白质选择性降解途径之一。泛素分子主要通过泛素活化酶、泛素偶联酶、泛素结合酶和泛素-蛋白连接酶与靶蛋白结合形成多泛素链, 将底物蛋白泛素化并降解。UPS 还可作用于转录因子及体内某些信号传导通路。泛素化过程是真核细胞内重要的蛋白质质量控制系统, 参与细胞生理活动过程, 如细胞凋亡、主要组织相容性复合体(major histocompatibility complex, MHC)-I 类抗原递呈、细胞周期以及细胞内信号传导等, 对维持细胞正常生理功能具有重要意义。

《中国心脏起搏与心电生理杂志》, 2009, 23(1): 69-71

(文摘检索号: 09160065)

蠕虫检测技术研究进展

向郑涛

(湖北汽车工业学院计算中心, 十堰 442002)

对蠕虫检测技术的进展进行了研究。由于能检测未知蠕虫, 异常检测已成为蠕虫检测的重要发展方向。被动检测采用故意设计为有缺陷的系统 HoneyPot, 用来吸引攻击者、收集攻击信息并进行深度分析。主动检测对正常主机和蠕虫主机的混和流量进行处理, 包括基于连接载荷和基于蠕虫行为的检测。分析并讨论了各类方法的特点和适用性, 提出目前的检测技术需要更为有效的蠕虫检测指标, 并基于正常主机和蠕虫主机在流量自相似性的差异, 给出了相应的实时检测指标选择思路。

《计算机工程与设计》, 2009, 30(5): 1060-1063

(文摘检索号: 09160097)

金属硫蛋白作为重金属污染生物标志物的研究进展

陈春

(南开大学环境科学与工程学院环境污染过程与基准教育部重点实验室, 天津 300071)

金属硫蛋白(MT)是一类普遍存在于生物体内的低分子量、富含半胱氨酸、热稳定性、可诱导型非酶蛋白, 具有维持生物体内金属含量动态平衡和重金属解毒作用双重机制。大量研究表明, MT 可作为重金属污染的生物标志物, 用来预测生物体受重金属暴露的状况和重金属污染的压力, 且对制定预防性的管理措施、及时监控环境污染皆具有重要的现实意义。根据国内外文献资料查阅及综合分析, 主要阐述了金属硫蛋白的基本结构、多态性、生理功能及其作为生物标志物在环境污染检测与诊断方面的研究与应用, 并展望其今后研究方向。

《农业环境科学学报》, 2009, 28(3): 425-432

(文摘检索号: 09160110)

编者按: 从最近发表的综述文章开始搜索科研工作所需参考文献, 是科学家的普遍做法。科技日报社出版的《中国学术期刊文摘》(中文版) 为此目的而专门收集各专业领域的研究论文及述评文章, 为使用者提供方便。《科技导报》每期从其中挑选数篇刊载, 只标注第一作者, 以飨读者。同时, 欢迎订阅《中国学术期刊文摘》。

(责任编辑 王士泉)