关键词卡 · 第 1 天（共 8 天） · 第 1–28 环

第 1 环 · 细胞学说

细胞学说 cell theory
华农 1 次 · 外校 1 校次

1. 定义 施莱登和施旺提出、魏尔肖补充　**2.** 定义 一切植物、动物都是由细胞组成的
3. 定义 细胞是生物体的基本结构单位　**4.** 定义 细胞只能来自细胞
5. 意义 一切病理表现都是基于细胞的损伤

大题｜精华例题
细胞学说的主要内容；古核生物为什么独立为一个类群（660）

1. 确立 施莱登和施万确立、魏尔肖补充
2. 主要内容① 植物和动物由细胞组成、基本结构单位
3. 主要内容② 细胞只能来自细胞
4. 意义 把动物界和植物界统一、三大基石
5. 形态像细菌 无核膜、环状DNA、多顺反子
6. 表达像真核① DNA与组蛋白结合、部分基因有内含子
7. 表达像真核② RNA聚合酶复杂多聚体、Met起始
8. 独有特征 细胞壁没有肽聚糖、醚键膜脂
9. 分子演化 rRNA等与真核生物更近、三个基本类群
10. 研究意义 多生活在极端环境、生命起源和细胞演化重要

大题｜2025 西北大学
从生命起源角度看，细胞的出现标志着生命的诞生。如何理解“细胞是生命活动基本单位”这一重要概念?

1. 基本单位 一切有机体都由细胞构成、细胞是基本单位
2. 代谢功能 代谢与功能基本单位、不同细胞分工协作
3. 生长发育 细胞分裂、分化、迁移和凋亡
4. 繁殖遗传 细胞分裂繁衍、生殖细胞传遗传信息
5. 共同特征 相似化学组成、脂-蛋白体系质膜、相同遗传装置
6. 分裂祖先 一分为二分裂方式、来自共同祖先
7. 病毒形态 病毒是非细胞形态的生命体
8. 病毒结论 必须在细胞内表现生命特征、细胞仍是基本单位
9. 生命诞生 细胞的出现标志着生命的诞生

第 3 环 · 原核与真核

原核细胞 prokaryotic cell
外校 1 校次

1. 定义 无核膜和核仁、有核区　**2.** 结构 染色体为环状DNA、不与蛋白质结合
3. 结构 70S核糖体、无膜质细胞器　**4.** 组成 细胞壁主要由肽聚糖
5. 过程 以二分裂方式增殖　**6.** 分类 支原体、衣原体、细菌、蓝藻等

古核细胞 archaea
外校 1 校次

1. 定义 原核中独立类群，即古细菌　**2.** 场所 极端特殊环境
3. 特点 形态、DNA结构、生命活动与原核相似　**4.** 特点 DNA与组蛋白结合
5. 特点 70S核糖体、氯霉素不敏感、起始Met　**6.** 特点 细胞壁由蛋白质形成、不含肽聚糖
7. 意义 表达系统、亲缘与真核更近

第 4 环 · 病毒

朊病毒蛋白 prion protein
华农 1 次

1. 分类 比病毒结构更简单的亚病毒　**2.** 结构 正常PrP以α-螺旋为主
3. 结构 致病型β-折叠增多　**4.** 机制 使正常分子跟着变构

大题｜2023 细胞 · 简答
为什么说病毒是非细胞形态的生命体；病毒与细胞的区别与关系

1. 是生命体 DNA或RNA、复制增殖、进化
2. 非细胞形态 没有细胞结构、没有核糖体和能量代谢系统
3. 构成 核酸和蛋白质衣壳、有的有被膜、只含一种核酸
4. 细胞区别 细胞有膜系统代谢、独立生存分裂增殖、DNA和RNA
5. 病毒区别 不能独立生存、复制方式增殖、细胞外可结晶
6. 寄生关系 活细胞内寄生、利用宿主核糖体、酶、能量、原料
7. 整合关系 基因组整合宿主染色体、转化或转移基因
8. 起源观点 不可能先于细胞、平行演化或来自细胞
9. 意义 研究基因复制和表达的模型、基因工程和疫苗载体
10. 感染过程 表面蛋白识别受体、胞饮或融合进入、脱壳复制装配释放

第 5 环 · 水与弱键

氢键 Hydrogen bonds
外校 1 校次

1. 定义 静电相互作用　**2.** 结构 电负性较大的原子和氢原子共价结合
3. 结构 具有很大的偶极矩　**4.** 结构 电子云密度小，氢核几乎裸露
5. 机制 正电荷氢核产生静电吸引　**6.** 特点 形成具有协同性

大题 | 精华例题

维持大分子结构的非共价力（以氢键为例）

1. 二级结构 主链C═O/N─H维持α-螺旋、β-折叠、β-转角

2. 三级四级 侧链之间、侧链与主链氢键稳定三级四级

3. 核酸结构 A-T/G-C氢键维持双螺旋；tRNA链内配对

4. 识别特异性 酶-底物、抗体-抗原、转录因子-DNA大沟；方向性

5. 氢键总结 单个弱、数量多、有方向性；打开重建、DNA复制转录

6. 离子键 相反电荷侧链稳定三级四级；T态盐桥、DNA与组蛋白

7. 范德华力 紧密接触原子、密堆积、互补表面；碱基堆积力稳定DNA

8. 疏水本质 非极性基团在水中聚集、水分子熵增

9. 疏水意义 蛋白质折叠主要驱动力；膜脂双层、亚基缔合

10. 结论 单个弱、可逆、大量协同；既稳定又动态变化相互识别

第 8 环 · 二十种侧链

酪氨酸（Tyr） tyrosine

华农 1 次

1. 组成 羟基 **2.** 特点 能形成氢键 **3.** 意义 某些酶的重要功能基

非蛋白质氨基酸 Non-protein amino acids

外校 1 校次

1. 定义 非标准氨基酸 **2.** 特点 不直接参入肽链 **3.** 过程 翻译后化学修饰的后加工产物 **4.** 特点 体内游离形式存在 **5.** 意义 具有特殊的生理功能 **6.** 意义 代谢中间物和物质前体

手性碳原子 chiral carbon atom

外校 1 校次

1. 定义 四个不同取代基团四面体碳 **2.** 特点 分子具有手性的关键因素 **3.** 特点 不能与镜像叠合有旋光性 **4.** 特点 一个手性碳两个旋光异构体 **5.** 特点 n个手性碳2^n个旋光异构体

氨基酸 Amino acids

外校 1 校次

1. 定义 构成蛋白质的基本单位 **2.** 结构 氨基、羧基、侧链 **3.** 结构 连接在中心碳原子（α-碳）上 **4.** 特点 约500种天然存在 **5.** 特点 20种用于合成人体蛋白质

必需氨基酸 essential amino acid

外校 3 校次

1. 条件 不能合成或合成量远不能满足需要 **2.** 定义 必须由食物供给的氨基酸 **3.** 举例 赖氨酸、色氨酸、苯丙氨酸 **4.** 举例 甲硫氨酸、苏氨酸、异亮氨酸 **5.** 举例 亮氨酸、缬氨酸、组氨酸 **6.** 特点 组氨酸为婴幼儿所必需

大题 | 2019 生化 · 简答

丝氨酸在蛋白质中的作用

1. 催化 活性中心亲核基团

2. 举例 胰凝乳蛋白酶Ser195/His57/Asp102

3. 调节 蛋白激酶磷酸化位点

4. 调节 磷酸化改变构象和活性

5. 举例 糖原磷酸化酶Ser14 b型变a型

6. 修饰 羟基连接O-连接糖链形成糖蛋白

7. 结构 羟基极性成氢键维持结构识别

第 9 环 · 等电点

等电点 pI

外校 7 校次

1. 定义 净电荷为0的特征pH **2.** 定义 兼性离子状态 **3.** 特点 电场中不迁移 **4.** 特点 pH>pI带净负电荷、向正极移动 **5.** 特点 pH<pI带净正电荷、向负极移动 **6.** 特点 溶解度最小

两性离子 zwitterion (dipolar ion)

外校 1 校次

1. 定义 同一分子上正离子基团能释放质子 **2.** 定义 负离子基团能接受质子 **3.** 特点 既是酸又是碱 **4.** 特点 和酸、碱反应 **5.** 特点 R基不含可解离基团的氨基酸 **6.** 特点 中性pH水中兼性离子占优势 **7.** 特点 极少数非离子形式存在

大题 | 2024 生化 · 简答

选哪个 pH 电泳分离三个三肽

1. 结论 选pH 6.0

2. 分离原理 电泳按净电荷分离，三者净电荷互不相同

3. pKR取值 Tyr10.1、Arg12.5、Glu4.3

4. pKR取值 Asp3.9、Lys10.5

5. pH 2.0电离 羧基基本不解离，氨基、胍基全部带正电

6. pH 2.0结果 Tyr-Arg-Ser、Asp-Pro-Lys约+2分不开

7. pH 13.0电离 氨基基本不带电，羧基、酚羟基解离

8. pH 13.0结果 Arg胍基约1/4带正电，Tyr-Arg-Ser约−1.8

9. pH 13.0结果 Glu-Met-Phe、Asp-Pro-Lys约−2分不开

10. pH 6.0电离 α-氨基约3/4质子化，羧基全解离，Arg/Lys带正电

11. pH 6.0净电荷 三者约+0.8、−1.2、−0.2，互不相同

12. 电泳方向 Tyr-Arg-Ser移向负极，另两种移向正极且速度不同

大题｜2011 生化・问答、2015 生化・填空

谷氨酸的等电点

1. 结论 pI = 3.22
2. 解离后0 pH很低+1；α-COOH（2.19）解离后0
3. 解离后−1 γ-COOH（4.25）解离后为−1
4. 解离后−2 α-NH_3^+（9.67）解离后为−2
5. 两性离子 pH 2.19和4.25之间净电荷为零
6. 定义 这一形式两侧两个pKa的平均值
7. 计算 pI=（2.19+4.25）/2=3.22
8. 原因 pK_2（9.67）不参与；−1变到−2
9. pI附近 α-氨基几乎全部质子化

大题｜2007 生化・简答

两个基团同时满足的最适 pH

1. 结论 最佳 pH 约为 5.25
2. 组氨酸 咪唑基质子化，pH 低于 pKR 6.0
3. 谷氨酸 γ-羧基解离成 —COO^-，pH 高于 pKa 4.5
4. 方向 两个条件对 pH 的要求方向相反
5. 乘积 比例等于两个比例的乘积
6. 中点 两个 pKa 的中点（4.5+6.0）/2
7. 偏离 偏离这个值，总有一方的比例下降

大题｜2026 杭州师范大学

请分析氨基酸和蛋白质等电点的异同。

1. 定义 正负电荷相等、净电荷为零时的pH
2. 电泳 净电荷均为零、不泳动
3. 溶解度 静电斥力最小、溶解度最低；蛋白质沉淀氨基酸结晶
4. 氨基酸 侧链R基及α-氨基、α-羧基解离
5. 蛋白质 所有氨基酸残基侧链可解离基团共同决定统计平均
6. 数量范围 每种氨基酸一个pI；蛋白质范围极广易受修饰
7. 微环境 游离氨基酸pI受环境影响较小、溶剂性质
8. 构象 空间构象、三级结构暴露/掩埋基团、变性改变pI

大题｜2026 南开大学

现有含有天冬氨酸，亮氨酸，苏氨酸，赖氨酸的 pH 为 3 的柠檬酸缓冲液，将其加入到预先用同种缓冲液平衡过的强阳离子交换树脂中，然后用该缓冲液洗脱此柱，并分部分收集洗脱液，问四种氨基酸的洗脱顺序？

1. 原理 离子交换层析基于电荷行为
2. 规律 阳离子越多结合越紧洗脱越慢
3. Asp pH3天冬氨酸带负电荷
4. Thr/Leu 苏氨酸和亮氨酸带正电荷
5. Thr 苏氨酸极性吸附能力较弱
6. Leu 亮氨酸非极性吸附能力较强
7. Lys 赖氨酸带正电荷结合能力最强
8. 结论 Asp>Thr>Leu>Lys

第 10 环 · 紫外与显色

茚三酮反应 ninhydrin reaction
外校 2 校次

1. 定义 检测和定量氨基酸的化学反应　**2.** 条件 弱酸条件下与α-氨基酸共热
3. 机制 α-氨基氧化脱氨　**4.** 过程 生成紫色产物，570nm检测
5. 过程 CO2测压法计算α-氨基酸量　**6.** 举例 脯氨酸和羟脯氨酸生成亮黄色产物

大题｜2026 杭州师范大学

假定某蛋白质相对分子质量为 120kD，其一级结构可能是直线式的，也可能是闭环式的，请分析是否有简单合理的方法加以鉴定确认。

1. 结构差异 直线式有游离N-端和C-端
2. 结构差异 闭环式没有游离N-端和C-端
3. 验证方法 进行N-端测定
4. 结论 游离N-端的即为直线式蛋白质
5. 试剂条件 DFNB弱碱性环境pH=8.0~9.0
6. 结合生成 N 末端的α氨基酸结合生成DNP-多肽
7. 水解产物 酸性条件下水解后，得到黄色DNP-氨基酸
8. 提取 有机溶剂提取DNP-氨基酸
9. 鉴定 纸层析法或色谱法鉴定

第 11 环 · 肽键

谷胱甘肽 GSH
华农 2 次

1. 定义 Glu、Cys、Gly组成的三肽　**2.** 结构 Glu以γ-羧基与Cys成肽　**3.** 特点 含游离巯基
4. 意义 细胞内重要的还原剂　**5.** 意义 保护蛋白质巯基和细胞膜

生物活性肽 bioactive peptide (active peptide)
华农 1 次 · 外校 1 校次

1. 定义 游离状态存在、分子量较小的多肽　**2.** 定义 具有特殊的生理功能
3. 分类 核糖体途径：蛋白质前体翻译后加工　**4.** 举例 例如许多激素和其他肽
5. 分类 不经核糖体酶促合成　**6.** 分类 细菌和低等真菌产生的肽类抗生素

拉氏构象图 Ramachandran plot
华农 1 次

1. 定义 非共价键合原子最小接触距离　**2.** 定义 Cα成对二面角（Φ，ψ）
3. 定义 两个相邻肽基的构象　**4.** 定义 标出允许与不允许的构象
5. 定义 Φ横坐标、ψ纵坐标的Φ-ψ图　**6.** 意义 简化蛋白质构象研究
7. 意义 判断结构模型正误

二面角 dihedral angle
外校 1 校次

1. 结构 Cα碳原子位于两个肽平面的交线上　**2.** 结构 Cα—N和Cα—C都是单键
3. 特点 可以绕键轴旋转　**4.** 定义 Cα—N旋转的角度称为Φ　**5.** 定义 C—Cα旋转的角度称为
6. 意义 决定两个肽单位的相对位置　**7.** 意义 形成蛋白质构象的基础

席夫碱 Schiff base
外校 1 校次

1. 定义 一级胺（伯胺）与醛或酮　**2.** 过程 脱水缩合反应
3. 定义 含有C=N 双键的有机化合物　**4.** 特点 结构稳定、反应活性高
5. 意义 有机合成中常用作中间体　**6.** 意义 转氨、脱氨的关键中间产物

肽键 Peptide bond
外校 1 校次

1. 定义 蛋白质一级结构中的主要化学键　**2.** 过程 α-羧基与α-氨基脱水缩合
3. 结构 -CO-NH-的酰胺键　**4.** 特点 C-N键具有部分双键的性质　**5.** 特点 不能自由旋转
6. 意义 通过肽键相连形成肽或蛋白质

肽平面 peptide plane
外校 1 校次

1. 特点 肽键具有部分双键性质　**2.** 结构 六个原子共处同一平面
3. 组成 C、H、O、N、Cα1、Cα2　**4.** 特点 刚性平面不能自由转动
5. 定义 多肽主链酰胺平面

大题｜2020 生化・问答、2008 生化・简答
胰岛素为什么只能注射，怎样做成口服

1. 化学本质 胰岛素是蛋白质、51个氨基酸、两条链
2. 消化道命运 胃蛋白酶、胰蛋白酶、糜蛋白酶水解失活
3. 难吸收 分子太大、难以透过肠上皮吸收
4. 甲状腺本质 酪氨酸的碘化衍生物
5. 可口服原因 分子小、不含肽键、能被肠道吸收
6. 不被破坏 肠溶包衣、蛋白酶抑制剂、脂质体/纳米颗粒
7. 能被吸收 吸收促进剂、与载体分子偶联
8. 提高稳定性 化学修饰、改造易被切的位点
9. 举例 司美格鲁肽片配合吸收促进剂
10. 共同依据 肽键水解热力学自发、动力学极慢

第 12 环 ・ 一级结构

同源蛋白质 homologous protein
华农 1 次

1. 定义 序列相似基因编码的蛋白质　**2.** 特点 相同或相似的功能和三维结构
3. 分类 不同物种为直向同源蛋白质　**4.** 分类 同一物种为共生同源蛋白质

大题｜2023 生化・问答
如何理解一级结构决定蛋白质的功能

1. 实验条件 8 mol/L尿素和β-巯基乙醇
2. 复性 核糖核酸酶二硫键正确配对，活性几乎恢复
3. 结论 信息在氨基酸序列，天然构象最稳定
4. 核心结论 一级结构通过空间结构决定功能
5. 反面例证 β6 Glu→Val
6. 机制 疏水斑块脱氧聚集，红细胞镰刀状
7. 加工激活 胰岛素原切C肽，酶原切肽段
8. 构象调整 构象调整、形成活性中心，局部改变改变功能
9. 同源蛋白 细胞色素c不变残基保守，序列越相近越相似
10. 补充 朊病毒一级结构相同构象不同；分子伴侣

大题｜2025 山东师范大学
论述蛋白质化学测序的策略，并且分析说明基因序列预测蛋白质序列的间接测序法能否完全取代蛋白质直接测序法？

1. 链数目 末端残基分析确定多肽链数目
2. 拆分 变性剂、氧化剂或还原剂拆分多肽链
3. 组成与末端 完全水解测定氨基酸组成和末端残基鉴定
4. 裂解测序 两套或几套重叠肽段，Edman降解法测序
5. 重建 交错重叠拼凑完整一级结构
6. 二硫键与酰胺基 对角线电泳确定二硫键，确定酰胺基位置
7. 结论 无法完全取代：翻译后修饰需直接测序
8. 原因 可变剪接、RNA编辑需直接测序验证
9. 原因 未知蛋白、注释错误、非标准编码依赖测序
10. 原因 末端加工、修饰位点与功能需直接测序确认

大题｜2025 湖南师范大学

测定蛋白质多肽链 N 端的方法有哪些？基本原理？

1. **方法一** 二硝基氟苯（DNFB）法生成DNP-多肽
2. **稳定性** 生成的键对酸稳定，水解后N端为黄色DNP-氨基酸
3. **测定** 有机溶剂提取后层析法测定
4. **方法二** 丹磺酰氯（DNS）法：DNS代替DNFB
5. **特点** DNS-氨基酸强烈荧光，灵敏度高100倍
6. **测定** 不必提取，纸电泳或薄层层析测定
7. **方法三** Edman化学降解法
8. **弱碱性** 弱碱性PITC连接N端形成PTC-蛋白复合物
9. **酸处理** 酸处理切割PTC-氨基酸，酸性下转化为PTH
10. **鉴定** HPLC鉴定氨基酸种类
11. **连续** 暴露新N端，与PITC第二轮反应，n轮测n个残基
12. **方法四** 氨肽酶逐个切N端氨基酸，测定释放氨基酸推断序列

大题｜2026 华中师范大学

胰岛素分子存在链间和链内二硫键，请分别设计实验证明之。请说明实验原理、实验设计思路，主要步骤和注意事项。

1. **原理** 还原剂断开二硫键
2. **预期结果** 对照组1条带还原组2条带证明链间二硫键
3. **分组处理** 实验组加入β-巯基乙醇，对照组不加还原剂
4. **电泳步骤** 加SDS变性后SDS-PAGE染色观察
5. **链内分组** 多种酶水解组实验组，未经过酶水解对照组
6. **链内步骤** 同时进行对角线电泳
7. **链内结果** 实验组对照组偏移对角线，实验组多于对照
8. **链内结论** 说明存在链内二硫键
9. **注意事项** 还原剂足量保证二硫键完全断开
10. **注意事项** 电泳条件一致保证可比性

大题｜2025 西南大学

Pro-Cys-Thr-Leu-Tyr-Arg-Asn-Met-Glu-Phe-Ala-Asp-Gly-Gly-Gly-Gly-Val-Met-Cys-Ile-Trp-His-Lys-Asn。

1. **因素①** α螺旋固有倾向
2. **因素②** 间隔3或4个残基R基相互作用
3. **因素③** 相邻R基庞大体积
4. **因素④** Pro和Gly的存在
5. **因素⑤** 螺旋末端残基与电偶极相互作用
6. **最可能肽段** Leu-Tyr-Arg-Asn⋯Ala
7. **有利氨基酸** Leu、Met、Ala有利α螺旋
8. **转角** Gly-Gly-Gly-Gly引起转角

第 13 环 · 二级结构

α-螺旋 α-helix

华农 1 次 · 外校 3 校次

1. **定义** 最常见、含量最丰富的二级结构元件
2. **结构** 多肽链围绕中心轴卷曲成螺旋
3. **机制** 靠链内氢键维持
4. **机制** n羰基氧与n+4酰胺氢形成氢键
5. **特点** 每个螺圈包含3.6个氨基酸残基
6. **特点** 氢键封闭的环是13元环
7. **特点** 稳定性取决于氢键和侧链性质

无规卷曲 random coil

外校 1 校次

1. **定义** 不能归入明确二级结构的肽段
2. **特点** 较为松散、不规则
3. **特点** 有明确而稳定的结构
4. **特点** 受侧链影响、对理化因子敏感
5. **意义** 构成酶活性部位等功能部位
6. **意义** 提供柔韧性参与相互作用
7. **意义** 折叠过程过渡状态

蛋白质二级结构 Protein secondary structure

外校 1 校次

1. **定义** 多肽链局部肽段
2. **定义** 借氢键沿一定方向盘曲折叠
3. **定义** 有规则的周期性结构
4. **结构** 主链原子或基团空间排布
5. **结构** 不涉及侧链定位和与其他肽段关系
6. **机制** 骨架上的羰基和酰胺基团之间氢键
7. **分类** α-螺旋β-折叠β-转角无规卷曲

β-折叠 Beta-sheet

外校 1 校次

1. **定义** 蛋白质中常见二级结构
2. **组成** 主链原子形成片层结构
3. **机制** 羰基氧和酰胺氢形成氢键
4. **特点** 氢键几乎垂直于伸展肽链
5. **分类** 平行或反平行排列

大题｜2026 生化・问答

α-螺旋与 β-折叠稳定性的本质区别；胶原为何是三股螺旋

1. **α配对** 第n C═O与第n+4 N—H配对
2. **局部氢键** 链内局部氢键，平行螺旋轴
3. **α稳定** 稳定性由这一段自身序列决定
4. **β氢键** 相邻股之间，氢键大致垂直于肽链
5. **远程作用** 配对的两股在序列上可以相距很远
6. **β稳定** 依赖配对股和整体折叠，反平行更直
7. **胶原序列** （Gly-X-Y）$_n$，X、Y是脯氨酸羟脯氨酸
8. **脯氨酸限制** 脯氨酸没有N—H，φ角卡死，形不成α-螺旋
9. **三股螺旋** 左旋伸展每圈约3个残基，三条链右手三股螺旋
10. **空间限制** 中心空间极小，只有侧链是氢原子的甘氨酸放得下
11. **链间氢键** Gly的N—H与相邻链的C═O形成链间氢键
12. **羟脯氨酸稳定** 羟脯氨酸进一步稳定，羟化需要维生素C，缺乏坏血病

大题｜2017 生化・分析

二级结构的类型及基本特征（6 分）

1. **定义** 主链C═O与N—H氢键、不涉及侧链
2. **α-螺旋数字** 右手螺旋、3.6残基、0.54nm
3. **α-螺旋氢键** 0.15nm、n+4氢键、平行螺旋轴
4. **α-螺旋侧链** 侧链伸向螺旋外侧、脯氨酸破坏者
5. **β-折叠数字** 0.35nm、相邻肽段氢键垂直肽链
6. **β-折叠特点** 平行和反平行、反平行更稳定、侧链交替
7. **β-转角数字** 180°回折、4残基、第1与第4氢键
8. **β-转角组成** 常含Gly和Pro、多位于表面
9. **无规卷曲** 无确定规律、活性部位和柔性连接区

大题｜2025 郑州大学

为什么 Gly、Pro 不能出现在 α 螺旋中?

1. **总述** Pro或Gly形成α-螺旋倾向性最小
2. **Pro旋转受限** 氮原子是刚性环的一部分不能绕N—C键旋转
3. **Pro氢键受限** 氮原子没有取代的氢参与形成氢键
4. **Pro去稳定结节** 去稳定的结节，极少存在于α螺旋
5. **Gly构象柔性** 更大的构象柔性，多聚Gly采取卷曲结构
6. **Gly结论** Gly不经常出现在α螺旋中

大题｜2026 华中农业大学

α-螺旋与 β-折叠的稳定性有何本质区别？胶原蛋白为何无法形成 α-螺旋而采用三股螺旋结构。

1. **α-螺旋** 链内氢键，与螺旋长轴基本平行
2. **β-折叠** 链间氢键，与肽链走向垂直
3. **富含甘氨酸** 每3个残基1个Gly，更大的构象柔性
4. **富含脯氨酸** Pro氮原子刚性环，不能绕N—C键旋转
5. **三股螺旋** 三条肽链左手螺旋缠绕，右手超螺旋
6. **意义** 链间氢键稳定，极大提高强度，适合支持功能

大题｜2026 上海科技大学

从结构、氢键、氨基酸组成、性质的方面论述蛋白质二级结构中 α-螺旋和 β-转角的区别。

1. **结构α** 右手螺旋，每圈3.6个残基，螺距0.54nm
2. **结构β** 180°回折U型，4个残基，无重复螺旋
3. **氢键α** 链内氢键，n与n+4，平行长轴
4. **氢键β** 首尾残基，1与n+3，数量少
5. **组成α** Ala、Glu、Leu、Met利于形成
6. **组成α** Pro、Gly、大侧链或连续同种电荷残基破坏
7. **组成β** 富含Gly侧链小，便于剧烈回折
8. **组成β** 富含Pro刚性环结构强制转角
9. **性质α** 紧密刚性稳定，内部或跨膜区，疏水核心
10. **性质β** 柔性大位于表面，转向折叠形成球状
11. **性质β** 易与水、配体接触，参与分子识别

第 14 环 · 三级结构

超二级结构 supersecondary structure (motif)

华农 4 次 · 外校 4 校次

1. **定义** 两个或多个二级结构元素
2. **定义** 非共价相互作用
3. **定义** 形成更大结构单元
4. **特点** 种类有限、能量更低、结构规则
5. **举例** αα、ββ、βαβ
6. **结构** 二级与三级之间层次

结构域 domain

华农 2 次 · 外校 5 校次

1. **定义** 二级/超二级上形成三级局部折叠区
2. **结构** 空间相对独立的紧密球状实体
3. **定义** 球状蛋白质的独立折叠单位
4. **特点** 连续100~200个氨基酸残基
5. **分类** 富含金属或二硫键的结构域等

三级结构 tertiary structure

华农 1 次 · 外校 1 校次

1. **定义** 多肽链所有原子的整体空间排布
2. **定义** 在二级结构、结构域基础上折叠
3. **特点** 序列相隔较远残基侧链相互作用
4. **特点** 非共价相互作用及二硫键
5. **功能** 决定蛋白质形状与活性位点构型

大题｜2026 湖南师范大学

稳定蛋白质空间结构的作用力主要有哪些？简述其特点，并说明维持蛋白质的二级结构中起主要作用的是哪一种或哪几种?

1. **离子相互作用** 盐桥；带电荷基团间静电；盐类减弱非极性溶剂增强
2. **氢键** 供体H与受体部分负电荷；方向性、饱和性、协同性
3. **范德华力** 定向、诱导、分散；非极性间London分散力
4. **疏水相互作用** 非极性避开水聚集、弱非共价、熵驱动、维持三维
5. **二硫键** 两个半胱氨酸巯基氧化共价键；固定稳定构象
6. **二级结构** 主链C=O与N-H规则氢键稳定二级结构

大题｜2026 吉林大学、2026 河南师范大学

蛋白质的一二三四级结构是什么，维系各级结构的键和力是什么？

1. **一级结构** 氨基酸组成数量排列顺序及共价连接
2. **一级键力** 肽键主要二硫键次要
3. **二级结构** 局部肽段借氢键盘曲折叠成有规则周期性结构
4. **二级范围** 仅涉及肽链主链原子/基团空间排布不涉侧链构象
5. **二级键力** 氢键
6. **三级基础** 在二级结构超二级结构或结构域基础上
7. **三级折叠** 序列相隔较远氨基酸残基侧链相互作用盘曲折叠
8. **三级范围** 包含主链和侧链所有原子/基团的整体空间排布
9. **三级键力** 疏水相互作用主要氢键离子键范德华力二硫键
10. **四级结构** 多条完整一二三级多肽链亚基非共价连接球形
11. **四级涉及** 涉及亚基组成数量空间排布及相互作用
12. **四级键力** 疏水作用主要氢键离子键范德华力

第 15 环 · 序列决定折叠

分子伴侣 molecular chaperone

华农 5 次 · 外校 4 校次

1. **定义** 一类保守蛋白质　2. **机制** 识别非天然构象、与疏水肽段结合和释放
3. **条件** 需要消耗 ATP　4. **特点** 不参与最终结构形成　5. **作用** 帮助正确折叠、防止错误折叠
6. **分类** Hsp70 家族、伴侣蛋白家族

蛋白质变性 denaturation

华农 1 次 · 外校 4 校次

1. **定义** 天然蛋白质在理化因素影响下　2. **定义** 生物活性丧失
3. **定义** 溶解度降低、不对称性增高　4. **机制** 次级键破坏、天然构象解体
5. **特点** 共价键不破裂、一级结构完好

蛋白质折叠 protein folding

外校 1 校次

1. **定义** 线性的氨基酸序列　2. **定义** 特定三维结构和生物活性
3. **过程** 无规则卷曲→功能性三维结构　4. **机制** 亲水性、疏水性、带正电、带负电
5. **机制** 残基间的相互作用　6. **结构** 一立体的三级结构

大题｜2008 生化・简答、2024 生化・判断、2025 生化・选择

自然发生的氨基酸替换

1. **丝氨酸原因** 侧链小、有极性、位于表面
2. **丝氨酸替换** Thr、Ala、Gly 大小相近
3. **例外** 活性中心 Ser195
4. **色氨酸原因** 侧链吲哚环、最大、频率最低
5. **色氨酸位置** 埋在疏水核心或结合部位
6. **色氨酸替换** 留下空腔、破坏疏水堆积与结合
7. **Ile-Leu** 同分异构体、四个碳疏水烃链、大小形状相近
8. **结论** 保守替换、疏水堆积基本不受影响

大题｜2025 年南开大学

一级结构预测蛋白质三维结构，为什么一级结构决定蛋白质三维结构？并且用实验证明。

1. **结论** 一级结构决定三维结构
2. **原因** 氨基酸序列包含折叠全部信息
3. **原因** 疏水相互作用、氢键、离子键和二硫键精确位置
4. **原因** 热力学稳定性原理
5. **实验** Anfinsen核糖核酸酶复性实验
6. **实验对象** 牛胰核糖核酸酶4对二硫键
7. **第一步** 尿素和β-巯基乙醇变性失活
8. **第二步** 去除尿素和β-巯基乙醇
9. **复性** 有氧自发重新折叠恢复活性
10. **结论** 一级结构是三维结构形成的基础

大题｜2026 合肥工业大学

蛋白质一级结构和蛋白质高级结构的定义，并叙述一级结构对高级结构的功能。

1. **一级定义** 氨基酸数目种类排列顺序和二硫键数目位置
2. **二级定义** 主链局部肽段借氢键形成周期性结构
3. **三级定义** 非共价弱相互作用和二硫键进一步折叠
4. **四级定义** 两个以上亚基聚集体的种类数目和相互作用
5. **信息** 全部信息含于一级结构氨基酸序列
6. **证据** 变性后一级结构未破坏可恢复三级四级结构
7. **结论** 一级结构是高级结构的基础

大题｜2025 暨南大学

蛋白质变性的因素有哪些？变性蛋白的性质结构有什么改变？

1. **实质** 次级键破坏，构象解体，一级结构完好
2. **变性因素** 热、紫外线、高压、有机溶剂、脲、胍、酸碱
3. **活性改变** 生物活性丧失（主要特征）
4. **侧链基团** 侧链基团暴露
5. **溶解度** 疏水基外露，溶解度降低
6. **形状黏度** 分子伸展，不对称增高，黏度增加
7. **物理常数** 扩散系数降低，旋光紫外吸收改变
8. **酶解性质** 更易受蛋白水解酶作用

大题｜2025 苏州大学

什么是分子伴侣，说明其生物学功能。

1. **定义** 辅助折叠与组装的一类蛋白质

2. **作用方式** 结合多肽链疏水区段，利用ATP水解能量

3. **主要种类** Hsp70家族和伴侣蛋白家族

4. **功能①折叠** 防止错误折叠，增加折叠产率

5. **功能②组装** 促进寡聚蛋白组装

6. **功能③转运** 协助蛋白质转运

7. **功能④防聚集** 应激条件下防止变性聚集

8. **功能⑤降解** 与泛素-蛋白酶体系统协作降解

大题｜2025 苏州大学

什么是分子伴侣，说明其生物学功能。

1. **定义** 不参与最终结构、不成功能组件

2. **功能** 协助正确折叠、组装、转运或降解

3. **防聚集** 防止错误聚集

4. **本质** 保守性蛋白质家族

5. **识别** 识别底物非天然构象

6. **特点** 自身不被消耗、不决定最终三维结构

第 16 环 · 四级结构

蛋白质的四级结构 Quaternary structure

外校 2 校次

1. **定义** 两条或两条以上多肽链（亚基） **2.** **定义** 非共价相互作用组装成三维结构

3. **组成** 各亚基种类、数目、空间排布 **4.** **特点** 亚基之间一般没有共价键

5. **特点** 范德华力、氢键、离子键、疏水 **6.** **举例** 血红蛋白等氧运输蛋白

7. **意义** 四级结构改变调节氧气结合释放

亚基 Subunit

外校 1 校次

1. **定义** 具有三级结构的多肽链 **2.** **组成** 独立折叠的球状多肽链聚集体

3. **机制** 通过非共价相互作用彼此缔合 **4.** **结构** 形成蛋白质四级结构

5. **特点** 单独存在无完整生物活性 **6.** **特点** 聚合成特定构象才具完整生物活性

大题｜2012 生化・综合

一、二、三、四级结构与功能的关系（16 分）

1. **一级结论** 一级结构决定高级结构

2. **实验例** Anfinsen核糖核酸酶变性复性实验

3. **突变例** 镰状细胞贫血β6 Glu→Val

4. **其他例** 细胞色素c保守残基、胰岛素原切C肽、酶原切肽段后才有活性

5. **二级结论** 二级结构决定纤维蛋白的机械性质

6. **纤维例** α-角蛋白α-螺旋、毛发有弹性可拉伸

7. **纤维例** 丝心蛋白β-折叠、蚕丝强韧不易拉伸

8. **胶原例** 胶原三股螺旋、肌腱抗张强度极高

9. **三级结论** 三级结构形成功能部位、相距很远的残基聚到一起

10. **三级例** 胰凝乳蛋白酶His57、Asp102、Ser195催化三联体

11. **三级例** 肌红蛋白结合血红素的疏水口袋

12. **变性复性** 三级结构破坏功能丧失、复性后恢复

13. **四级协同** 血红蛋白四亚基O_2构象改变、S形协同

14. **别构调节** H^+、CO_2、BPG别构调节、肌红蛋白没有

15. **总结** 一级决定高级结构、高级结构执行功能、结构改变引起功能改变

大题｜2019 生化・简答

多亚基缔合的结构和功能优势

1. **稳定** 疏水表面被埋起来，表面积与体积之比减小

2. **经济出错少** 较短的基因编码较小的亚基、出错亚基替换

3. **活性部位** 几个亚基的残基共同组成活性部位

4. **大结构** 多个亚基组装成大的结构，中间产物直接传递

5. **协同别构** 一个亚基结合配体后构象改变，影响其他亚基

6. **举例** 血红蛋白结合氧、天冬氨酸转氨甲酰酶别构调节

第 17 环 · 肌红蛋白与血红蛋白

大题｜2007 生化・简答

氧怎样从肺转运到肌肉

1. **曲线特征** 肌红蛋白双曲线 P_{50}=2 亲和力很高

2. **血红蛋白曲线** 血红蛋白S形曲线 P_{50}=26 亲和力较低 协同效应

3. **肺中** pO_2=100 torr 血红蛋白几乎完全饱和

4. **肌肉中** pO_2=20 torr 陡峭段 释放大量氧

5. **肌红蛋白接氧** 20 torr 肌红蛋白仍几乎饱和 接过氧储存

6. **剧烈运动** 剧烈运动 pO_2更低时再释放

7. **原因** 协同结合 易结合易释放

8. **Bohr效应** H^+、CO_2多 Bohr效应 促进放氧

大题｜2025 华东师范大学、2025 南京师范大学

举例分析蛋白质的结构和功能关系？

1. 总论 结构改变导致功能改变
2. 分子病 Hb S 第6位 Glu 被 Val 替换
3. 同源性 同源蛋白质一级结构相似
4. 举例 Cyt c 亲缘越近差异越小
5. 一级决定高级 一级结构决定高级结构
6. 变性复性 变性构象破坏活性丧失，复性活性恢复
7. 空间结构 天然构象与功能密切相关
8. 举例 RNase A 二硫键还原无催化活性

大题｜2025 山东大学

肌红蛋白和血红蛋白与氧结合的区别，有什么影响因素。

1. 肌红蛋白 单体蛋白，氧结合与解离相对简单
2. 血红蛋白 四个亚基，别构效应，S型氧合过程
3. 氧分压 几乎只受氧分压，低pO2仍能结合氧并储存
4. 释氧能力 释氧能力差，仅在肌肉极度缺氧时释放
5. H+和CO2 H+和CO2促进O2释放，受pH影响
6. Bohr效应 βHis146与αAsp94盐桥稳定T态
7. CO2 CO2形成氨甲酸基，额外盐桥稳定T态
8. BPG BPG稳定去氧构象，与O2结合互相排斥

第 18 环 · 别构与协同

别构效应 allosteric effect (allostery)
华农 2 次 · 外校 4 校次

1. 定义 蛋白质或酶调节部位与配体结合现象 **2.** 过程 引发构象可逆变化
3. 机制 影响活性部位与底物结合或催化活性 **4.** 意义 产生正、负协同作用
5. 意义 快速、精细调控酶活性 **6.** 意义 广泛参与代谢通路调节

血红蛋白氧合曲线 hemoglobin oxygen-binding curve
外校 1 校次

1. 定义 氧饱和度与氧分压关系曲线 **2.** 特点 呈S形 **3.** 机制 协同效应
4. 机制 低氧分压结合能力弱 **5.** 机制 氧分压升高构象改变结合增强
6. 意义 组织释放氧肺部结合氧 **7.** 意义 高效运输氧气重要特征

协同效应 cooperativity
考点

1. 定义 多亚基蛋白 **2.** 定义 亚基结合配体、构象变化影响亲和力
3. 分类 亲和力升高为正协同 **4.** 特点 S形、Hill系数>1 **5.** 分类 亲和力降低为负协同
6. 特点 负协同Hill系数<1 **7.** 机制 结构基础是别构效应

大题｜2024 生化・简答

别构酶（别构蛋白）调节活性的机理

1. 结构基础 寡聚酶，活性部位和调节部位
2. 关键条件 两个以上构象变化相互影响的结合部位
3. 结合 效应物非共价可逆结合，引起亚基构象改变
4. 构象转换 低活性T态与高活性R态转换
5. 结果 改变K型亲和力或V型最大催化速度
6. 分类 激活剂稳定R、抑制剂稳定T，同促/异促
7. 举例 血红蛋白O_2同促正协同，BPG/H^+异促负调节
8. 模型一 MWC所有亚基同时转换构象，只解释正协同
9. 模型二 KNF配体亚基逐个改变构象，解释正负协同
10. 动力学 S形曲线，不服从米氏方程
11. Hill系数 Hill n>1正协同，Rs=81为米氏酶
12. 意义 限速步骤，S形敏感，终产物反馈抑制，PFK-1

大题｜2025 郑州大学

什么是别构效应？以血红蛋白为例，说明其别构效应。

1. 定义 非催化部位非共价结合改变构象
2. 生理意义 调节酶活性控制代谢途径流量方向
3. 组成 四个亚基组成2个α2个β
4. 血红素 每个血红素高亲和力结合一个氧分子
5. 功能 高氧气浓度结合氧低氧气浓度释放氧
6. 协同效应 第一个亚基结合O2引起其他亚基构象变化
7. 结论意义 别构效应和协同效应有利于氧气结合和运输

大题｜2025 郑州大学

什么是别构效应？以血红蛋白为例，说明其别构效应。

1. 定义 多亚基 多个结合部位 配体影响其他部位
2. 正协同意义 S形曲线中间陡段 底物浓度敏感
3. 缓冲作用 平段缓冲 反应速率不致改变过大
4. 亚基组成 血红蛋白四个亚基
5. 去氧状态 去氧血红蛋白 八对盐键 亲和力较弱
6. 第一α结合 α亚基结合O2 盐键破坏 位点暴露
7. 依次结合 α、β亚基依次构象改变 亲和力增加
8. 携氧功能 很快的速度与四个氧完全结合 提高携氧功能
9. 负协同 负协同 底物浓度不敏感 少受干扰
10. 负协同举例 3-磷酸甘油醛脱氢酶 结合常数不同

第 19 环 · Bohr效应与BPG

Bohr 效应 Bohr effect

外校 2 校次

1. 定义 pH和CO_2对血红蛋白氧合的影响　**2.** 条件 H^+浓度或CO_2分压升高

3. 特点 血红蛋白对氧亲和力降低　**4.** 特点 氧合曲线右移　**5.** 意义 代谢旺盛组织中促进放氧

6. 意义 血红蛋白结合H^+起缓冲作用　**7.** 意义 肺中促进结合氧、排出CO_2

大题｜2017 生化・分析

BPG 怎样调节血红蛋白的运氧功能（6 分）

1. 来源性质 糖酵解支路产物，带大量负电荷

2. 结合部位 四个亚基围成的中央空腔

3. 结合方式 两条β链上带正电的残基形成盐键

4. 结合数量 每个四聚体只结合一个，只结合T态

5. 氧合后 氧合后空腔变窄，BPG被挤出

6. 作用 稳定T态，降低血红蛋白对氧的亲和力

7. 曲线放氧 氧合曲线右移，P_{50}升高，组织放氧增多

8. 无BPG 纯血红蛋白亲和力很高，几乎不在组织中放氧

9. 高原贫血 BPG升高，肺中饱和度略降，净供氧增加

10. 胎儿举例 γ链Ser，BPG结合弱，亲和力高于母体

大题｜2026 南方科技大学

波尔效应对血红蛋白的影响（外校，华农名词常考）

1. 定义 H^+或CO_2分压升高亲和力降低右移

2. 组织中 CO_2和乳酸、pH降低、释放更多的氧

3. 缓冲 脱氧血红蛋白结合质子起缓冲作用

4. 肺中 CO_2被呼出pH回升亲和力恢复结合氧

5. 氧合时 氧合放出质子促进HCO_3^-变回CO_2

6. T/R T态比R态更易结合质子

7. β链 β链His146-Asp94盐桥pKa升

8. α链/质子 α链N端氨基变化质子稳定T态

9. CO_2结合 CO_2与N端氨基形成氨甲酸稳定T态

10. CO_2运输 70%HCO_3^-20%氨甲酰10%溶解

大题｜2025 西北大学

分析一种在高海拔环境下动物，其血红蛋白结构可能发生改变。

1. 原因 高海拔BPG浓度上升

2. 结合部位 四聚体只有一个BPG结合部位，在β亚基之间

3. 稳定T态 正电荷与BPG负电荷形成盐桥稳定T态

4. 促氧释放 肌肉中降低血红蛋白对氧的亲和力，促使氧释放

5. 结构稳定 亲水性氨基酸被疏水性氨基酸取代

6. 肺中亲和力 氧气结合位点相关氨基酸变化，提高肺中亲和力

大题｜2025 南京师范大学

血红蛋白与氧的亲和力变化：（1）pH 从 7.0 升到 7.4；（2）CO_2 压力从 20 到 40；（3）O_2 压力从 40 到 10；（4）2,3-二磷酸甘油酸从 8.0 \times 10-3 降到 2.0 \times 10-3。

1. 机制 His146质子化与Asp94形成盐桥

2. 结论 pH升高使H+浓度下降、亲和力上升

3. 机制 CO2与α-氨基结合形成氨甲酰血红蛋白

4. Bohr效应 产生的H+贡献于Bohr效应

5. 盐桥 氨甲酸形成额外盐桥稳定T态

6. 结论 CO2升高，Hb和氧的亲和力下降

7. 结论 氧分压决定结合释放多少，不改变亲和力

8. 性质部位 BPG别构抑制剂结合部位位于β亚基之间

9. 机制 正电荷和BPG负电荷盐桥稳定T态

10. 结论 BPG浓度下降，Hb和氧亲和力上升

大题｜2026 南方科技大学

请简述波尔效应对血红蛋白的影响。

1. 定义 H+、CO2影响Hb与O2亲和力

2. 效应 H+或CO2增加降低亲和力

3. 效应 氧合曲线向右移动，促进释放O2

4. 机制 His146-Asp94盐桥稳定T态

5. 机制 CO2与α-氨基形成氨甲酰血红蛋白

6. 机制 H+贡献Bohr，氨甲酸盐桥稳定T态

7. 原因 去氧血红蛋白对H+亲和力比氧合血红蛋白大

8. 机制 BPG稳定去氧构象促进O2释放

9. 机制 O2与BPG结合互相排斥

10. 意义 无BPG减少组织O2供应

大题｜2026 东南大学

从分子结构解释为什么婴儿血红蛋白（HbF）对于氧气的亲和力与成人血红蛋白（HbA）在低 2-3BPG 时出现相似的变化趋势（氧合曲线左移），但在生理学上却具有截然不同的意义？

1. 别构抑制 BPG是别构抑制剂

2. 结合部位 中央洞穴结合BPG

3. β链正电荷残基 BPG负电荷盐键稳定T态降低氧亲和力

4. 构象变化 T态转R态洞穴变小β链末端氨基不能成盐键

5. 相似趋势 BPG都减少氧亲和力都上升曲线都左移

6. 亚基组成 γ亚基形成HbF(α2γ2)

7. 结构差异 γ链H21为Ser成人残基为His

8. 氧亲和力增高 减少BPG结合部位正电荷降低BPG亲和力

9. 胎儿意义 HbF有助于胎儿从母体获得氧气

10. 成人意义 HbA BPG亲和力强组织释放氧气

第 20 环 · CO与镰状细胞

分子病 molecular disease
外校 1 校次

1. 定义 基因或DNA分子缺陷　**2.** 定义 RNA及蛋白质合成异常　**3.** 定义 蛋白质结构功能变异
4. 举例 镰刀状细胞贫血病　**5.** 意义 理解基因突变与疾病关系
6. 意义 疾病预防、诊断和治疗

大题｜2025 合肥工业大学
镰状细胞血红蛋白与正常血红蛋白（外校，配华农名词“分子病”）

1. 一级结构 β6谷氨酸被缬氨酸取代、GAG→GTG
2. 电泳差异 亲水残基换疏水、负电荷减少、电泳迁移率不同
3. 空间结构 β6表面多疏水小块、折叠运氧正常
4. 聚合机制 T态Val6嵌Phe85/Leu88口袋聚合
5. R态 氧合R态口袋遮住不聚合
6. 细胞后果 红细胞镰刀状、变形下降、溶血
7. 整体后果 堵塞小血管、组织缺氧、恶性循环
8. 结论 一级结构决定空间结构和功能
9. 分子病 蛋白质一级结构异常引起分子病
10. 杂合优势 杂合子疟疾流行区有生存优势

大题｜2025 合肥工业大学
从一级结构和空间结构上说镰刀型血红蛋白和正常血红蛋白的差异和导致功能不同的原因。

1. α链 Hb S和Hb A的α链完全相同
2. β链第6位 β链N端第6位Glu被Val替换
3. 溶解度 降低去氧血红蛋白溶解度，对氧合形式无影响
4. 疏水结合 Val侧链与去氧血红蛋白互补口袋疏水结合
5. 聚集沉淀 聚集成纤维状沉淀
6. 氧合形式 氧合血红蛋白表面无疏水性口袋
7. 缺氧条件 缺氧时成镰刀状，氧压低镰刀状化增加
8. 堵塞血管 细胞破裂形成冻胶限制血流堵塞血管
9. 加重 血流变慢氧压下降生成更多去氧HbS加重镰刀状化
10. 器官功能 组织缺血受伤影响器官正常功能

第 21 环 · 看见与改造结构

蛋白质工程 protein engineering
华农 2 次

1. 定义 改造蛋白质以改进其性能　**2.** 条件 对已知结构与功能的认识
3. 过程 计算机辅助设计和基因定位诱变　**4.** 特点 在基因工程基础上发展
5. 意义 改良药物、农作物和开发生物催化剂

酶工程 enzyme engineering
外校 1 校次

1. 定义 酶学原理与化学工程技术及基因重组技术结合的新型应用技术
2. 研究内容 酶的生产、纯化、固定化，酶分子结构修饰和改造
3. 应用 工农业、医药卫生和理论研究　**4.** 目的 解决天然酶不稳定、分离纯化难、成本高
5. 手段 化学修饰或固定化提高效率、降低成本；化学合成人工酶
6. 手段 基因重组生产性能稳定、具有新的生物活性、催化效率更高的酶

大题｜2025 生化・问答、2026 生化・问答
结构测定方法与结构预测

1. 原理 X射线晶体学结晶衍射傅里叶变换电子密度图原子模型
2. 优缺点 分辨率高技术成熟已解最多；必须晶体膜蛋白难静态
3. 原理 核磁共振溶液测原子核距离角度推出结构
4. 优缺点 接近生理状态构象动态柔性；较小蛋白数据解析复杂
5. 原理 冷冻电镜玻璃态冰单分子图像分类叠加重构三维结构
6. 长处 不需结晶用量少适合大复合物膜蛋白分辨不同构象
7. 局限 小蛋白难高分辨率设备昂贵
8. 补充 圆二色谱快速估计二级结构含量给不出原子结构
9. 改变范式 稀缺数据变人人可得；先测结构转先预测假设实验检验
10. 指导 指导突变药物设计；为冷冻电镜晶体学提供初始模型
11. 局限 单一静态；构象变化无规配体突变有限；低置信度
12. 方案 实验验证；冷冻电镜核磁动力学配体新模型；置信度

大题｜2020 生化・问答
蛋白质结构改造的分子设计原理

1. 基本原理 结构决定功能，蛋白质工程
2. 提高热稳定性 引入二硫键、环区引入脯氨酸
3. 改专一性 改变活性中心或结合口袋残基
4. 提高溶解度 改造表面电荷和疏水残基
5. 延长半衰期 去掉易氧化、易被蛋白酶切的位点
6. 结构信息不足 定向进化：随机突变建库筛选
7. 计算设计 结构预测、计算机模拟从头设计
8. 流程 分析结构→设计突变→表达纯化→检测性质

大题｜2025 华中农业大学

蛋白质的功能与其结构密切相关，常用蛋白质结构分析方法，试述其优缺点。

1. **X射线衍射** 三维晶体 分辨率极高 适用范围广
2. **X射线缺点** 需制备高质量晶体 无法反映动态信息
3. **NMR** 溶液状态 高分辨率 动态的信息
4. **NMR缺点** 无法测定不溶性或聚集态蛋白
5. **CD** 二级结构的改变 快速 样品量少
6. **CD缺点** 仅提供二级结构统计信息 无法解析三维构象
7. **冷冻电镜** 无需结晶 难以结晶的大复合物 原子级分辨率
8. **冷冻电镜缺点** 仪器成本极高 对样品的纯度要求严格

大题｜2025 中国科学院大学

酶工程的主要内容、研究意义和分类。

1. **定义** 研究酶的生产和应用的技术性学科
2. **总述** 化学酶工程和生物酶工程两大部分
3. **化学酶工程** 天然酶制备、化学修饰、固定化
4. **天然酶来源** 从动植物组织和微生物中提取酶
5. **化学修饰** 体外与小分子化学基团或大分子共价连接改善性能
6. **固定化** 吸附共价包埋交联固定于支持物重复使用稳定
7. **生物酶工程** 重组DNA克隆、高效表达、发酵工程大量生产
8. **优点** 专一性强、可操作性好
9. **设计** 设计特定氨基酸序列与高级结构改变性质功能
10. **意义1** 高效催化降低工业能耗和成本
11. **意义2** 药物或药物靶点、基因测序、疫苗
12. **意义3** 形成多种功能酶增加使用范围和用途

第 22 环 · 酶的本质

核酶 ribozyme
华农 4 次 · 外校 2 校次

1. **定义** 具有生物催化功能的RNA分子 **2.** **分类** 属于生物催化剂
3. **机制** 催化磷酸二酯键断裂 **4.** **特点** 特异性剪切底物RNA
5. **意义** 突破酶均为蛋白质的认知 **6.** **意义** 对生命起源研究意义重大

抗体酶 abzyme (catalytic antibody)
华农 3 次 · 外校 3 校次

1. **定义** 本质是免疫球蛋白 **2.** **定义** 易变区赋予酶的属性
3. **特点** 兼具抗体高度特异性与酶高效催化 **4.** **过程** 过渡态类似物为半抗原免疫动物制备
5. **意义** 生物学与化学交叉的新型人工酶

多酶复合体 multienzyme complex
华农 1 次 · 外校 2 校次

1. **定义** 几种酶非共价键嵌合 **2.** **特点** 相对分子质量很高 **3.** **举例** 脂肪酸合酶复合物
4. **机制** 依次连接连续反应 **5.** **意义** 提高反应效率 **6.** **意义** 减少中间产物扩散损失
7. **意义** 调控整个代谢途径

多酶融合体 multifunctional enzyme (polyenzyme conjugate)
华农 1 次

1. **定义** 几种催化不同反应的酶活性 **2.** **结构** 同一条多肽链 **3.** **结构** 不同结构域
4. **定义** 形成多功能蛋白质 **5.** **举例** 动物脂肪酸合酶

酶活力 enzyme activity
外校 1 校次

1. **定义** 酶催化某一化学反应的能力 **2.** **定义** 一定条件下反应速率表示
3. **定义** 酶活力用酶单位(U)表示 **4.** **定义** 国际单位（IU）表示酶活力
5. **条件** 最适反应条件（温度25℃） **6.** **定义** 每分钟催化1微摩尔底物转化为产物
7. **特点** 酶活力与反应速率正相关

大题｜2026 湖南师范大学、2025 山东师范大学、2025 暨南大学

什么是酶？酶促反应有何特点？

1. **化学本质** 蛋白质或RNA
2. **催化效能** 对其底物具有高度特异性和高度催化效能
3. **结构要求** 一级结构及空间结构完整
4. **失活** 酶分子变性或亚基解聚导致酶活性丧失
5. **分类** 单纯酶仅含蛋白质，结合酶含酶蛋白和辅助因子
6. **特点①** 酶具有很高催化效率：比非催化反应高108—1020倍
7. **特点②** 高度专一性：一种或一类底物、结构互补分子识别
8. **特点③** 酶活性受调节和控制：浓度、激素、反馈抑制、激活剂
9. **特点④** 反应条件温和：常温、常压、近中性pH

大题｜2025 云南大学

同工酶的概念，类型从学的生物化学的内容中举 2 个例子。

1. **概念** 催化相同的化学反应
2. **概念** 结构、理化性质、免疫性能不同
3. **概念** 不同基因编码
4. **例1** 乳酸脱氢酶，四聚体，5种同工酶
5. **亚基来源** 两种结构基因编码M、H亚基
6. **电泳分开** H富含酸性氨基酸、M富含碱性氨基酸，电场分开
7. **例2** Asp为原料，第一个酶是天冬氨酸激酶
8. **同工酶数** 天冬氨酸激酶Ⅰ~Ⅲ 3种同工酶
9. **反馈调节** AKⅠ受Thr抑制，AKⅡ受Met阻遏
10. **协同平衡** AKⅢ受Lys抑制阻遏，三者协同保证平衡

第 23 环 · 活化能与过渡态

诱导契合学说 induced fit theory
外校 1 校次

1. 定义 酶分子高柔性动态构象　**2.** 机制 底物诱导构象有利于结合
3. 过程 酶与底物互补契合　**4.** 意义 说明酶的专一性　**5.** 举例 X射线晶体结构分析支持

过渡态类似物抑制剂 transition-state analog inhibitor
外校 1 校次

1. 定义 与酶促反应过渡态极为相似　**2.** 结构 化学结构和分子形状与活性中心般配
3. 机制 以极高的亲和力与活性中心结合　**4.** 机制 底物无法进入
5. 特点 酶活性受到不可逆性抑制

第 24 环 · 活性中心

活性中心 active center (active site)
华农 1 次

1. 定义 少数特异氨基酸残基集中构成　**2.** 定义 直接与催化活力相关区域
3. 组成 结合部位、催化部位　**4.** 组成 辅酶参与组成　**5.** 结构 酶表面三维疏水空穴
6. 机制 诱导契合、次级键结合底物　**7.** 特点 具有柔性、空间构象完整是关键

酶的专一性 enzyme specificity
华农 1 次

1. 定义 对反应物和反应有严格选择性　**2.** 定义 作用于一种或一类物质
3. 分类 结构专一性和立体异构专一性　**4.** 分类 绝对专一性和相对专一性
5. 分类 旋光异构和几何异构专一性　**6.** 机制 诱导契合、锁与钥匙、三点附着假说

锁钥学说 lock-and-key theory
外校 1 校次

1. 定义 解释酶与底物专一性作用关系　**2.** 机制 结合像一把锁与对应钥匙
3. 结构 活性位点具有特定形状和电荷分布　**4.** 过程 与特定底物分子相互作用
5. 特点 高度特异性　**6.** 特点 专一性是酶催化重要特征　**7.** 意义 确保高效催化特定底物

大题 | 2013 生化・问答、2021 生化・简答
酶催化的高效性（和专一性）

1. 结论 过渡态互补、结合能降低活化能、氧负离子洞
2. 邻近定向 底物结合，局部浓度提高、方向排列、分子间变分子内
3. 底物形变 诱导契合、敏感键受张力、接近过渡态
4. 酸碱催化 His57咪唑基给出接受质子
5. 共价催化 亲核基团、不稳定共价中间物、两步快反应
6. 金属离子 Zn^{2+}稳定负电荷、活化水分子
7. 多元催化 Asp102–His57–Ser195协同
8. 低介电 疏水口袋低介电加强静电
9. 锁钥学说 结合/催化部位；大小形状电荷疏水性互补；专一性口袋
10. 诱导契合 诱导契合：柔性、催化基团正确就位
11. 立体专一性 三点附着、L-乳酸脱氢酶
12. 结合酶 酶蛋白决定专一性、辅因子决定反应类型

大题 | 2025 中国科学技术大学
请解释酶的诱导契合理论。

1. 初始状态 活性部位并不是和底物形状正好互补
2. 构象变化 底物或酶或两者构象变化后互补
3. 催化基团位置 催化基团位置在键的断裂和生成键适当位置
4. 定义 动态的辨认过程称为诱导契合

大题 | 2025 华中科技大学
酶的活性中心虽然只由少数几个氨基酸组成，但酶的蛋白分子一般很大，请作解释。

1. 原因 氢键、疏水作用维持正确几何取向
2. 举例 激酶包含催化结构域和调节结构域
3. 原因 非活性中心区域参与底物结合或变构调节
4. 原因 构象变化依赖非活性中心区域柔性结构域
5. 原因 非活性中心残基调节活性中心微环境

大题 | 2026 山东大学
组氨酸在酶的活性中心的作用。

1. 解离常数 咪唑基解离常数约为6.0
2. 中性条件 一半以酸形式存在，另一半以碱形式存在
3. 催化作用 作为质子供体，又可以作为质子受体
4. 最活泼 最有效最活泼的催化功能基
5. 速度 半寿期小于10 – 10s
6. 速度相等 供出或接受质子的速度几乎相等
7. 重要性 含量很少，却很重要
8. 推测 被选择作为酶分子中的催化结构

第 25 环 · 催化机制

共价催化 covalent catalysis
华农 1 次 · 外校 2 校次

1. 定义 又称亲核催化或亲电催化　**2.** 机制 亲核基团或某些辅酶放出或汲取电子
3. 机制 Ser羟基、Cys巯基、His咪唑基　**4.** 机制 磷酸吡哆醛、焦磷酸硫胺素作亲电基团
5. 过程 作用于底物缺电子或负电子中心　**6.** 过程 形成不稳定共价中间复合物
7. 意义 降低反应活化能使反应加速

底物与酶的邻近效应与定向效应

proximity and orientation effects

华农 1 次

1. 定义 两个底物束缚在酶表面彼此接近　**2.** 机制 活性部位有效浓度比溶液高得多

3. 机制 模拟分子内反应，降低反应活化能　**4.** 意义 酶高效催化的重要原因之一

5. 定义 反应基团与酶催化基团正确定位取向　**6.** 机制 分子间反应变成类似分子内反应

7. 意义 促进反应基团与催化基团有效相互作用

大题｜2025 湖南师范大学

简述酶具有高催化效率的分子机制。

1. 邻近定向 邻近/定向：有效浓度高、正确取位、分子间变分子内

2. 形变契合 底物形变和诱导契合：ES→过渡态、削弱反应键

3. 诱导契合 构象同时变化后才互补

4. 多元协同 多元催化协同：多个催化基团同时作用于底物

5. 疏水微环境 活性部位疏水微环境：作用力比极性环境强

6. 酸碱催化 酸碱催化：提供或接受质子稳定过渡态、降低活化能

7. 共价催化 亲核/亲电子作用于缺电子/负电子中心

8. 共价中间物 共价中间复合物、降低活化能

9. 金属途径① 结合底物定向、可逆氧化态调节氧化还原

10. 金属途径② 静电稳定/屏蔽负电荷、水离子化促进亲核催化

大题｜2026 西南大学

酶对底物的专一性比较强，并且酶比一般生物催化剂催化能力要高。请说明酶具有催化高效性的原因。

1. 邻近效应 有效浓度高、分子间反应变分子内反应

2. 定向效应 反应基团与催化基团正确取位

3. 底物形变 转换成过渡态

4. 形变位置 催化基团进入适当位置削弱反应键

5. 诱导契合 底物或酶构象变化后才互补

6. 协同效应 多个催化基团同时作用于底物

7. 微环境 疏水微环境作用力比极性环境强

8. 酸碱催化 提供或接受质子稳定过渡态

9. 共价催化 亲核或亲电子基团作用于缺电子或负电子中心

10. 共价中间物 形成共价中间复合物降低活化能

11. 金属离子 结合底物定向、改变氧化态、屏蔽负电荷

12. 水离子化 金属离子通过水的离子化促进亲核催化

大题｜2025 湖南师范大学

简述酶具有高催化效率的分子机制。

1. 邻近效应 有效浓度高，分子间变分子内

2. 定向效应 反应基团与催化基团正确取位

3. 底物形变 ES复合物→过渡态，削弱反应键

4. 诱导契合 构象变化后才互补

5. 多元催化 多个催化基团同时作用底物

6. 微环境 疏水裂缝，作用力强于极性环境

7. 酸碱催化 提供或接受质子，稳定过渡态

8. 共价催化 亲核/亲电子，共价中间复合物，降低活化能

9. 金属离子催化 结合底物定向、氧化态调节、屏蔽负电荷

10. 金属离子催化 水的离子化促进亲核催化

大题｜2026 杭州师范大学

实现酶促反应高效率的因素有哪些？它们是怎样提高酶促反应速度的?

1. 邻近效应 底物向活性中心靠近，有效浓度比溶液高

2. 定向效应 正确取位，底物被束缚在酶表面，变分子内反应

3. 底物形变 转换成过渡态，催化基团进入适当位置削弱反应键

4. 诱导契合 构象变化后互补，催化基团位于断裂和生成键适当位置

5. 多元催化 多个催化基团同时作用于底物协同促进

6. 疏水微环境 活性部位位于疏水环境裂缝中

7. 作用力 底物与催化基团作用力比极性环境强

8. 酸碱催化 瞬时提供或接受质子稳定过渡态降低活化能

9. 共价催化 亲核或亲电子基团作用于缺电子或负电子中心

10. 共价中间物 不稳定的共价中间复合物降低活化能

11. 金属离子 结合底物定向、改变氧化态调节氧化还原反应

12. 水的离子化 静电稳定或屏蔽负电荷，水的离子化促进亲核催化

第 26 环 · 最适pH与温度

大题｜2023 生化・问答

温度和 pH 对酶促反应的影响

1. 升温原因 升温分子动能增加，越过活化能分子增多

2. 温度系数 Q_{10} 1.4～2.0，每升高10°C 1.4～2倍

3. 最适温度 温度过高变性失活，与升温叠加出现最适温度

4. 最适温度特点 不是特征常数，作用时间越长最适温度越低

5. 低温 低温不变性，升温可恢复，酶制剂低温保存

6. 活性中心 pH影响活性中心必需基团解离状态

7. 影响底物 影响底物可解离基团状态，影响结合催化

8. 极端pH 极端pH使酶变性

9. 最适pH 钟形曲线，不同酶最适pH不同，胃蛋白酶1.5～2

10. 最适pH特点 最适pH不是特征常数，受缓冲液和底物影响

第 27 环 · 米氏方程

Km Michaelis constant
华农 1 次 · 外校 4 校次

1. 定义 最大反应速率一半时的底物浓度　**2.** 特点 只与酶性质有关、与酶浓度无关
3. 定义 表示酶与底物亲和力的特征常数　**4.** 意义 可用来鉴别酶
5. 意义 Km越小亲和力越强

kcat turnover number
华农 2 次 · 外校 1 校次

1. 定义 酶的最大催化活力的量度　**2.** 条件 酶被底物饱和时
3. 过程 每秒钟每个酶分子或活性部位　**4.** 过程 转换底物为产物的分子数
5. 意义 催化效率指标，值越大效率越高

比活力 specific activity
华农 1 次 · 外校 2 校次

1. 定义 每mg蛋白质的酶活力单位数　**2.** 定义 每g或每ml酶制剂的活力单位
3. 特点 比活力越大酶纯度越高　**4.** 意义 衡量酶纯度与单位质量蛋白催化能力
5. 意义 酶分离纯化与质量评价依据

初速度 initial velocity
华农 1 次

1. 定义 底物减少量/底物总量<5%时速率　**2.** 特点 初速度与酶量呈线性关系
3. 意义 避免底物浓度降低使酶饱和降低　**4.** 意义 避免产物增加加速逆反应
5. 意义 避免产物对酶的抑制或激活　**6.** 意义 避免酶本身部分失活
7. 意义 反映酶催化初期速率、评估酶活性和动力学

乒乓机制 ping-pong mechanism
华农 1 次

1. 定义 双置换反应、双底物酶促反应机制　**2.** 机制 A反应产物P在B反应前释放
3. 机制 E转变为修饰酶E'　**4.** 过程 B反应生成Q、E'再生为E
5. 特点 底物不同时结合、产物先释后结合　**6.** 特点 具有高效专一性
7. 举例 转氨酶等基团转移反应

大题｜2025 生化・问答
推导 E + S ⇌ ES → E + P 的米氏方程

1. 模型 k_1、k_{-1}、k_2
2. 前提 初速度、[S]≫$[E]_t$、ES稳态
3. 稳态式 $k_1[E][S]=(k_{-1}+k_2)[ES]$
4. Km定义 $(k_{-1}+k_2)/k_1=Km$
5. 代入 游离酶$[E]=[E]_t-[ES]$代入
6. 米氏方程 $v_0=Vmax[S]/(Km+[S])$
7. 讨论 ≪Km一级、≫Km零级、=Km时Vmax/2

大题｜2025 东北师范大学
简述中间复合物学说和稳态理论。

1. 第一学说 酶与底物结合形成中间复合物ES
2. 反应式 E+S↔ES→P+E
3. 关键作用 ES降低反应活化能
4. 第二学说 过渡态稳定学说
5. 结合方式 酶与基态底物或过渡态底物结合
6. 高效性原因 过渡态底物结合稳定

大题｜2025 2026 云南大学、2025 安徽大学
简述 Km 值和其生理意义。

1. 定义 米氏常数，复合常数，特征常数
2. 定义 v0达Vmax一半的底物浓度，单位mol・L-1
3. 亲和力 Km越大，亲和力越小
4. 特性常数 只与酶性质有关，与酶浓度无关，可鉴别酶
5. 条件 底物、温度、pH、离子强度改变Km
6. 判断底物 Km可判断专一性，Km最小为天然底物
7. 亲和力 1/Km近似表示亲和力，越大亲和力越大
8. Km=Ks k2<<k-1时Km=Ks，结合紧密程度
9. 计算速率 由Km计算反应速率为Vmax百分率
10. 推断方向 底物Km小于产物Km利于正反应，否则逆反应

大题｜2026 华南农业大学
何为酶活力怎样衡量酶活力测酶的活力？为何测定反应的初速度？

1. 定义 酶催化某一化学反应的能力
2. 衡量依据 一定条件下所催化反应的反应速率、线性关系
3. 表示方式 单位时间内底物减少量或产物增加量
4. 原因① 加速逆反应的进行、抑制或激活作用、分子失活
5. 原因② 底物减少量占总量的极少部分、灵敏、产物增量
6. 测定方式 完成一定量反应时间、单位时间内化学反应量
7. 分光光度法 紫外或可见光吸收差别、可连续、氧化还原酶
8. 荧光法 荧光性质差别、灵敏度很高、易受其他物质干扰
9. 同位素法 放射性同位素底物、产物脉冲数、灵敏度极高
10. 电化学法 不同电学性质、连续分析法、灵敏度准确度很高

反竞争性抑制剂 uncompetitive inhibitor
外校 3 校次

1. 定义 可逆抑制作用　**2.** 条件 与底物结合后与抑制剂结合
3. 过程 三元复合物不能分解为产物　**4.** 特点 增加底物浓度不能解除
5. 机制 不与酶的同一部位竞争　**6.** 特点 Vmax，Km都变小
7. 举例 肼类化合物抑制胃蛋白酶

酶的竞争性抑制作用 competitive inhibition
外校 1 校次

1. 分类 最常见的可逆抑制作用　**2.** 特点 与底物结构类似　**3.** 机制 竞争酶的结合部位
4. 机制 形成可逆 EI 复合物，不能分解成产物
5. 特点 抑制程度取决于底物及抑制剂的相对浓度　**6.** 特点 增加底物浓度可解除
7. 特点 Km 增大，Vmax 不变　**8.** 举例 磺胺是对氨基苯甲酸的类似物
9. 举例 丙二酸和戊二酸抑制琥珀酸脱氢酶

大题｜2022 生化 · 简答

重金属中毒的机制与院前补救

1. 机制 重金属离子与酶巯基等必需基团结合
2. 结果 酶失活，不可逆抑制
3. 高浓度 蛋白质变性沉淀
4. 尽早 催吐
5. 口服 牛奶蛋清豆浆使重金属结合沉淀
6. 排出 再催吐或洗胃
7. 院内 二巯丙醇等巯基络合剂结合排出
8. 恢复 夺走酶上的重金属使酶恢复活性

大题｜2026 生化 · 问答

推导竞争性抑制的米氏方程

1. 模型 竞争性抑制剂只与游离酶结合
2. 模型 EI不能结合底物、不生成产物
3. 解离常数 $K_i = [E][I]/[EI]$
4. 前提 初速度、$[S] \gg [E]_t$、ES稳态
5. 守恒式 $[E]_t = [E] + [ES] + [EI]$
6. 稳态 $k_1[E][S] = (k_{-1} + k_2)[ES]$
7. 得[E] $[E] = Km[ES]/[S]$
8. 得[EI] $[EI] = Km[ES][I]/([S]K_i)$
9. 解出[ES] $[ES] = [E]_t[S]/(\alpha Km + [S])$
10. v_0与Vmax $v_0 = k_2[ES]$、$V_{max} = k_2[E]_t$
11. 定义α $\alpha = 1 + [I]/K_i$
12. 方程 $v_0 = Vmax[S]/(\alpha Km + [S])$
13. 结论 表观Km增大为αKm，Vmax不变
14. 双倒数 斜率增大、纵截距不变，交于纵轴
15. 意义 增加底物浓度能解除竞争性抑制

大题｜2025 生化 · 问答

三种可逆抑制的动力学特点

1. 定义 抑制剂使酶活性降低，不引起变性
2. 不可逆 共价结合，有机磷抑制乙酰胆碱酯酶、青霉素抑制转肽酶
3. 可逆 非共价结合，透析可除去
4. 竞争性机制 结构相似，竞争活性中心，只结合E
5. 竞争性方程 v=Vmax[S]/(αKm+[S])
6. 竞争性动力学 Km增大αKm，Vmax不变，交于纵轴，[S]能解除
7. 竞争性举例 丙二酸抑制琥珀酸脱氢酶、磺胺抑制二氢叶酸合成酶
8. 非竞争性机制 活性中心以外，E和ES亲和力相同，ESI不生成产物
9. 非竞争性方程 v=Vmax[S]/[α(Km+[S])]
10. 非竞争性动力学 Km不变，Vmax/α，斜率纵截距α倍，[S]不能解除
11. 非竞争性举例 亮氨酸抑制精氨酸酶
12. 反竞争性机制 只结合ES，[S]不能解除，底物越多抑制越强
13. 反竞争性方程 v=Vmax[S]/(Km+α′[S])
14. 反竞争性动力学 Km、Vmax同比例减小，斜率不变、两截距增大，平行线
15. 反竞争性举例 肼抑制胃蛋白酶
16. 判别 交纵轴竞争，交横轴非竞争，平行反竞争
17. 混合型 E和ES亲和力不同，Km和Vmax都改变，交第二或第三象限

大题｜2016 生化 · 分析

抗生素的抗菌作用机制（8 分）

1. 细胞壁 青霉素头孢与转肽酶丝氨酸共价结合，抑制肽聚糖交联
2. 结合前体 万古霉素结合前体末端D-Ala-D-Ala
3. 蛋白质合成 链霉素30S误读、四环素A位
4. 蛋白质合成 氯霉素50S肽酰转移酶、红霉素出口通道
5. 依据 细菌70S、真核80S核糖体不同
6. 核酸合成 利福平抑制RNA聚合酶β亚基、喹诺酮抑制DNA旋转酶
7. 叶酸代谢 磺胺对氨基苯甲酸类似物，竞争性抑制二氢叶酸合成酶
8. 协同作用 甲氧苄啶抑制二氢叶酸还原酶，协同
9. 细胞膜 多黏菌素结合膜磷脂，通透性增加外漏
10. 选择性基础 细菌与人细胞结构代谢差别

大题｜2025 华中师范大学

简述磺胺类药物作用的机理及意义。

1. 结构类似 与对氨基苯甲酸化学结构类似
2. 竞争抑制 竞争性抑制二氢叶酸合成酶
3. 合成受阻 很难利用对氨基苯甲酸合成四氢叶酸
4. 一碳单位 四氢叶酸是核苷酸、氨基酸合成的一碳单位载体
5. 抑菌后果 核酸及蛋白质合成受阻，最终抑制生长繁殖
6. 选择性 人体必需叶酸从食物获得，影响很小
7. 临床意义 临床广泛应用，对多种细菌感染性疾病有治疗作用
8. 理论意义 促进微生物代谢、酶学等领域发展
9. 应用价值 生产工艺简单成本低，抗菌谱较广

大题｜2025 华南师范大学

琥珀酸脱氢酶符合米氏方程，加入竞争性和抑制性二酸，问 Km 和 Vmax 怎么变化，若琥珀酸【S】= Km，丙二酸【S】=KI，问 V/Vmax 值。

1. 抑制剂类型 丙二酸是竞争性抑制剂
2. Km变化 Km增大
3. Vmax变化 Vmax不变
4. 速度方程 Km(1+[I]/Ki)+[S]
5. 代入条件 [S]=Km、[I]=Ki
6. 结论 V/Vmax=1/3

大题｜2025 苏州大学

假设酶遵循米氏动力学，说明以下因素如何改变 Km 和 Vmax ①竞争抑制剂②非竞争抑制剂③自杀灭活剂④尿素⑤加倍底物浓度。

1. 竞争抑制 竞争活性中心，EI无法催化，Km增大
2. Vmax 不影响ES的催化效率，Vmax不变
3. 非竞争抑制 与ES或游离酶E的非活性中心结合，改变构象，Vmax降低
4. 灭活机制 底物类似物，催化生成活性中间体，共价修饰活性中心
5. Vmax 有效酶浓度减少，Vmax成比例下降
6. Km 表观亲和力降低，Km增大
7. 尿素变性 破坏氢键和疏水相互作用，不可逆变性
8. Km 结合能力显著降低，表观Km增大
9. Vmax 活性丧失，Vmax下降，完全变性为零
10. 底物影响 不改变酶的结构，Km与底物浓度无关
11. Vmax 由酶浓度和催化效率决定，底物仅影响趋近Vmax程度
12. 酶浓度更高 增加底物浓度可以提高Vmax值

大题｜2025 南开大学

有机磷中毒的机制，用什么解?

1. 抑制酶 与丝氨酸羟基共价结合使酶失活
2. 胆碱酯酶 抑制胆碱酯酶活力
3. 乙酰胆碱 乙酰胆碱不能分解引起积累
4. 中毒症状 神经系统过度兴奋和呼吸障碍
5. 解毒药 解磷定或氯磷定
6. 解毒机制 除去酶上的磷酸根使酶复活

大题｜2026 华南师范大学

Vmax=200umol/min, Km=1mM。当 S=3mM 时速度；加入反竞争性抑制剂，Ki=1mM, α=Km, I=2mM 时速度。

1. 修正 此处的α改为S
2. 第一问结果 v=150umol/min
3. 第二问计算 Vi=200×3/（3+3×3）
4. 第二问结果 Vi=50umol/min