第一图书网, tushu007.com

<<代谢组学>>

图书基本信息

书名：<<代谢组学>>

13位ISBN编号：9787030215284

10位ISBN编号：7030215281

出版时间：2008-8

出版时间：科学出版社

作者：许国旺

页数：421

字数：624000

版权说明：本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问：http://www.tushu007.com

第一图书网, tushu007.com

前言

随着“基因组学”的提出，目前冠以“组学”的名字已有200多种。
代谢组学是研究细胞和生物体的所有代谢中间体和终产物(即代谢组)的一门新兴科学。
相对于DNA或蛋白质等生物高分子而言，代谢组学的研究对象一般为分子质量在1000I)a以下的小分子。
不同于基因和蛋白质具有相对严格的种属和细胞特异性，同一代谢物在任何其存在的物种中都具有相同的理化性质。

内容概要

本书是国内第一部集基本理论和实际应用于一体的、极有价值的关于代谢组学的专著，对学科的发展现状、面临问题、应用前景、未来趋势和学科本身的价值都做了客观、科学的描述。
除简要回顾代谢组学的发展历史、特点外，重点介绍了代谢组学技术平台及其在健康疾病、药物毒性、植物、微生物、营养科学和环境科学研究中的应用，使读者能在短时间内对最新的技术和国内外进展有一全面了解。
为适应不同层次人员对代谢组学知识的需求，本书在全面阐述色谱、质谱、核磁共振谱和多变量数据分析方法在代谢组学中的应用的同时，图文并茂地剖析了代谢组学在不同领域内的应用，使读者能很容易地应用本书解决相关领域中的问题。
　　本书既可作为从事代谢组学研究的专业人员的参考书，也可作为相关领域研究生的教材。
对代谢组学感兴趣或具备一定的生物化学和分析化学背景的读者也可根据自己所从事的专业有选择地阅读部分章节。

第一图书网, tushu007.com

作者简介

许国旺，男，1963年生，浙江嵊县人。
1984年毕业于浙江工业人学化工系，1991年在中国科学院大连化学物理研究所获博士学位，师从著名的色谱学家卢佩章院士。
毕业后留所，在国家色谱研究分析中心工作。
1995～1997年获马普（Max-Planck-Institute）研究基金资助，在德国Tuebingen

书籍目录

序前言第1章　绪论　1.1　代谢组学简介　1.2　代谢组学的研究方法　1.3　代谢组学的应用　1.4　代谢组学发展展望　参考文献第2章　气相色谱-质谱技术在代谢组学中的应用　2.1　气相色谱-质谱联用技术　2.2　基于GC-MS、GC×GC-TOFMS的代谢组学技术平台　2.3　代谢组学应用　2.4　发展与展望　参考文献第3章　液相色谱及液相色谱-质谱联用技术在代谢组学研究中的应用　3.1　液相色谱及液相色谱-质谱联用技术　3.2　用于极性小分子分析的二维液相色谱分离系统　3.3　液相色谱及液相色谱-质谱联用技术在代谢组学研究中的应用实例　参考文献第4章　超高效液相色谱-质谱及在代谢组学中的应用　4.1　超高效液相色谱的理论基础　4.2　超高效液相色谱与HPLC分析性能的比较　4.3　超高效液相色谱在代谢组学中的应用　参考文献第5章　毛细管电泳-质谱联用技术在代谢组学研究中的应用　5.1　毛细管电泳-质谱联用技术简介　5.2　基于毛细管电泳-质谱联用技术的代谢组学平台　5.3　毛细管电泳在代谢组学中的应用研究　参考文献第6章　核磁共振在代谢组学研究中的应用　6.1　核磁共振波谱分析原理　6.2　代谢组学中的核磁共振波谱分析方法　6.3　核磁共振在代谢组学研究中的应用　6.4　展望　参考文献第7章　代谢组学研究中常用的化学计量学方法　7.1　数据预处理方法　7.2　常用的模式识别方法　7.3　数据库及专家系统　参考文献第8章　类脂和类脂组学第9章　代谢组学在疾病分型和标志物发现研究中的应用第10章　修饰核苷在癌症诊断和随访中的应用第11章　代谢组学在糖尿病研究中的应用第12章　代谢组学在营养学研究中的应用第13章　代谢组学与药物研究第14章　代谢组学在植物研究中的应用第15章　代谢组学在微生物学中的应用第16章　代谢组学在环境科学中的应用

章节摘录

1.1.3 代谢组学与系统生物学　　在几种常见的组学研究中，基因组学主要研究生物系统的基因结构组成，即DNA的序列及表达。
蛋白质组学研究由生物系统表达的蛋白质及由外部刺激引起的差异。
代谢组学是研究生物体系(细胞、组织或生物体)受外部刺激所产生的所有代谢产物的变化，可以认为代谢组学是基因组学和蛋白质组学的延伸。
随着这些组学研究的深入，科学家们逐渐认识到：基因组的变化不一定能够得到表达，从而并不对系统产生实质影响。
某些蛋白质的浓度会由于外部条件的变化而升高，但由于这个蛋白质可能不具备活性，从而也不对系统产生影响。
同时，由于基因或蛋白质的功能补偿作用，某个基因或蛋白质的缺失会由于其他基因或蛋白质的存在而得到补偿，最后反应的净结果为零。
而小分子的产生和代谢才是这一系列事件的最终结果，它能够更准确地反映生物体系的状态。
因此，系统生物学的研究应涵盖基因组学、转录组学、蛋白质组学和代谢组学，任何单一组学的研究对生物问题的理解都是不全面的。
　　系统生物学是在细胞、组织、器官和生物体整体水平研究结构和功能各异的各种分子及其相互作用，并通过计算生物学来定量描述和预测生物功能、表型和行为的科学。
系统生物学从基因组序列开始，完成从生命密码到生命过程的研究。
如果将生命体看成一个在基因调控下的无数的相互关联的生化反应所组成的一个新陈代谢网络，那么系统生物学将要鉴别每一个反应节点的各种分子及其相互作用，从局部到整体，最终完成整个生命活动的路线图。
系统生物学的主要技术平台为基因组学、转录组学、蛋白质组学、代谢组学、相互作用组学和表型组学等，这些“组学”分别在DNA、tuRNA、蛋白质和代谢产物水平检测和鉴别各种分子并研究其功能以及各种分子之间的相互关系。
进而发现生化反应的途径和网络，构建生物学模块，并在研究模块相互作用的基础上绘制生物体的相互作用图谱。
代谢组学与其他组学结合对阐明生命的奥秘具有重要意义。
　　1.2 代谢组学的研究方法　　代谢组学研究一般包括样品采集和制备、代谢组数据的采集、数据预处理、多变量数据分析、标志物识别和途径分析等步骤(图1-5)。
生物样品可以是尿液、血液、组织、细胞和培养液等，采集后首先进行生物反应灭活、预处理，然后运用核磁共振、质谱或色谱等检测其中代谢物的种类、含量、状态及其变化，得到代谢轮廓或代谢指纹。
而后使用多变量数据分析方法对获得的多维复杂数据进行降维和信息挖掘，识别出有显著变化的代谢标志物，并研究所涉及的代谢途径和变化规律，以阐述生物体对相应刺激的响应机制，达到分型和发现生物标志物的目的。
　　根据研究的对象和目的不同，Oliver Fiehn将对生物体系的代谢产物分析分为四个层次。
　　(1)代谢物靶标分析(met_abolitetargetanalysis)：对某个或某几个特定组分的分析。
在这个层次中，需要采取一定的预处理技术，除掉干扰物，以提高检测的灵敏度。

第一图书网, tushu007.com

版权说明

本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问:http://www.tushu007.com