

<<基因组研究手册>>

图书基本信息

书名：<<基因组研究手册>>

13位ISBN编号：9787030231192

10位ISBN编号：7030231198

出版时间：2009-3

出版单位：科学出版社

作者：C.W.森森

页数：484

译者：谢东

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>

<<基因组研究手册>>

前言

21世纪的生物学研究，对每一位生物学工作者而言，既是机遇，又是挑战。

基因组学是近十几年来的生物科学研究热点。

基因组密码的破译，展开了生命科学研究的全新篇章。

随着多个生物，特别是人类基因组测序工作的初步完成，基因组生物学的研究由最初的结构基因组学向功能基因组学转移。

从单纯的对于基因结构和表达的研究，发展为对其在整个基因组中所扮演的角色和功能的关注，从整体水平上分析基因组的作用。

这种对于功能的侧重，也引发了相应的新“组学”的产生和发展，如蛋白质组学、代谢组学。

这些新兴的热点组学和初始的基因组学一起构建了“组学”这一体现生命科学新时代特色的研究系统。

而这些新兴领域的发展，也孕育和促成了生物信息学的产生和发展。

并且，从伦理道德的角度和层面上，引起了社会各界的关注和讨论。

然而，无论是对“组学”技术的阐述，或者对与其密切相关的生物信息学的介绍，还是对“组学”时代伦理道德问题的讨论，在国内的出版物中，仅散见于各种相关的专著和教材，或者杂志刊物中，并没有系统地整合。

本书以简明通俗的文字，不仅详细地介绍了在各“组学”中的多种概念、技术、实验模型，以及它们对于各“组学”发展的影响，还引入了对于生物信息工具和分析策略的介绍，同时，对生命科学研究的迅速发展所引发的一些社会问题展开了探讨。

因此，它不仅显示出科学性，而且对于从事生命科学的工作者而言，还具有学术参考价值。

同时，也具有通俗性，对于非生物专业的读者，也不失为一本可读性极强的读物。

本书的翻译工作是由中国科学院上海生命科学研究院营养科学研究所谢东研究组的师生共同完成的。

参加本书翻译工作的有谢东研究员、佟向军博士、王岩博士、刘冬平博士，以及研究组博士生孙志坚、李晶晶、冯宇雄、邓跃臻、季小丹、李果、石硕、蔡震、赵江沙，及其他人员彭丹妮、陈刚和熊渊。

全书由谢东研究员负责组织和审校工作。

希望本书的翻译和出版，对于我国的后基因组学研究的发展，起到良好的促进作用。

在翻译中若有疏漏和不当之处，欢迎指正。

<<基因组研究手册>>

内容概要

本书旨在为读者引入“组学”的各种基本概念，了解其基本内容，介绍各种常用的“组学”技术，并结合对实例的引用和阐述，展示“组学”的应用及前景。

同时，就“组学”的迅猛发展所带来的社会伦理问题，进行了开放性的讨论。

基于上述目的，本书分为四个部分：第一部分，关键的生物，对“组学”进行了概括介绍；第二部分，基因组和蛋白质组技术，结合应用实例，详细地介绍了基因组学和蛋白质组学的技术发展；第三部分，生物信息学，对这一在组学研究和应用中不可或缺的工具进行了细致全面的阐述；第四部分，伦理、法律和社会问题，归纳和展示了由“组学”的迅速发展所带来的不可避免的社会问题，并开展了多方面、多视角的讨论。

本书可供分子生物学、生物技术、医药卫生，以及生命科学领域相关科研、技术人员，研究生和二年级本科生参考使用。

<<基因组研究手册>>

作者简介

作者：(加拿大)C.W.森森 (Sensen.C.W.) 译者：谢东

<<基因组研究手册>>

书籍目录

译者序前言参编者名单第一部分 关键的生物 1 模式生物的基因组工程 1.1 绪论 1.2 特定模式原核生物的基因组工程 1.3 真核模式生物的基因组计划 1.4 总结 参考文献 2 环境基因组：研究未获培养微生物的新手段 2.1 绪论：为什么需要用新的方法来研究微生物的基因组 2.2 环境基因组学：方法学 2.3 初试：海洋环境基因组学 2.4 确定群体的环境基因组学：生物层和微生物层 2.5 用环境基因组学研究土壤微生物 2.6 生物技术方面 2.7 总结和展望 参考文献 3 基因组学在植物学中的应用 3.1 绪论 3.2 植物基因组 3.3 表达序列标签 3.4 基于DNA芯片的基因表达谱 3.5 蛋白质组学 3.6 代谢物组学 3.7 功能基因组学 3.8 总结 参考文献 4 人类遗传疾病 4.1 绪论 4.2 遗传对人类健康的影响 4.3 基因组和单基因缺陷 4.4 基因组学和多基因疾病 4.5 癌症的遗传基础 4.6 心血管疾病的遗传学 4.7 总结 参考文献第二部分 基因组和蛋白质组织技术第三部分 生物信息学第四部分 伦理、法律和社会问题第五部分 展望中文索引彩版

章节摘录

插图：8.3 用于蛋白质分析的毛细管电泳有三种电泳可以用于蛋白质分析。

其中两种（等电聚焦和SDS / PAGE）类似于传统的蛋白质电泳技术。

第三种是毛细管电泳所特有的，基于在一种简单的缓冲液里的迁移。

8.3.1 毛细管等电聚焦Stellan Hjerten最早开展了毛细管等电聚焦方面的工作。

样品和两性电解质混合后注满毛细管。

应用一个高电场使蛋白质聚集在它们的等电点并迅速形成一个高分辨率的电泳图谱。

电泳柱被包被起来使得电渗作用减至最小并减少蛋白质的吸附，以便在毛细管中形成一个稳定的等电聚焦场。

当分离结束以后，蛋白质就必须被检测。尽管通过成像检测系统蛋白质可被可视化，更常见的做法是使蛋白质流动以通过在毛细管一端的探头，同时等电聚焦的结果被记录下来。

蛋白质的迁移可以以其他方式进行。

如果用来分离的毛细管没有被包被，那么残余的电渗作用将会推动蛋白质流过探头。

然而，毛细管经常被包被以改进蛋白质分离的分辨率，并且这些毛细管的电渗很少。

在这种情况下，有几种方法可以被用来推进毛细管的内容物通过探头。

蛋白质的电动力学迁移可以通过在阳极或阴极缓冲液中加入一种中性盐如氯化钠来实现推动毛细管中的蛋白质向探头移动。

这种盐在电场的推动下在毛细管中流动，推动了聚焦的蛋白质向毛细管的另一头移动。

另一种方法是，在毛细管的一头加压来推动液体向探头移动。

施加的压力必须非常小以避免产生一个抛物流谱带而造成峰的增宽。

最简单的引入压力的方法是把毛细管探头端的压力降低到比注射端的压力还小，这样可以形成虹吸来推动液体通过探头。

UV吸收和质谱被用于等电聚焦的检测，由于质谱能够十分准确的测定蛋白质的分子质量，因此特别重要。

数据结果类似于二维电泳，但分辨率比SDS / PAGE要高得多。

不幸的是，尽管傅里叶变换质谱计和电离子喷雾被用于高分子质量的蛋白质分析，但这种技术成本很高，通常负担不起。

荧光检测不能用于标记的蛋白质，多重标记的产物形成复杂的混合物从而产生了复杂的电泳图。

8.3.2 SDS / 毛细管筛分电泳SDS / PAGE是一种常用的平板电泳，通过分子质量的大小来分离蛋白质。

然而，用于平板电泳交联的丙烯酰胺并不适用于毛细管分离。

毛细管中交联的聚合物在每次跑完之后必须丢弃，这样使得成本太高。

取而代之的是非交联的聚合物，它经常被用于以分子质量大小为基础的蛋白质分离。

这些材料有相对低的黏度，在电泳完毕后可以通过

<<基因组研究手册>>

编辑推荐

《基因组研究手册:基因组学、蛋白质组学、代谢组学、生物信息学、伦理和法律问题》以简明通俗的文字,不仅详细地介绍了在各“组学”中的多种概念、技术、实验模型,以及它们对于各“组学”发展的影响,还引入了对于生物信息工具和分析策略的介绍;同时,对生命科学研究的迅速发展所引发的一些社会问题展开了探讨。

因此,它不仅显示出科学性,而且对于从事生命科学的工作者而言,还具有学术参考价值。

同时,也具有通俗性,对于非生物专业的读者,也不失为一本可读性极强的读物。

<<基因组研究手册>>

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>