

<<疫苗关键技术详解>>

图书基本信息

书名：<<疫苗关键技术详解>>

13位ISBN编号：9787502587925

10位ISBN编号：7502587926

出版时间：2006-9

出版时间：化学工业出版社

作者：罗宾逊

页数：427

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>

<<疫苗关键技术详解>>

内容概要

自本书的第一版发行以来，在疫苗研究的相关内容如细菌基因组学、抗原特异性T细胞定量技术、疫苗载体的基因操作技术、免疫反应相关的自然调控分子的应用以及DNA疫苗学等方面均有了很大的进展。

因此，新版专门扩充增加几个新的章节，如“活病毒疫苗载体”、“减毒细菌疫苗”、“免疫调节因子”、“MHC?多肽四聚体复合物”、“利用基因分析对基因候选株的鉴定”。

另外，书中的每章都增补了自第一版以来疫苗学相关领域中所出现的最新方法。

本书结构完整，由以下3方面内容构成： 在应用特定技术研制疫苗方面的细节描述，包括利用基因操作技术对病毒或细菌进行减毒制备、载体制备、灭活毒素制备以及合成肽疫苗的制备和佐剂疫苗的制备； 对疫苗剂型和递送系统以及免疫反应评价方面进行了更为全面的技术描述； 在几个章节中，还对疫苗的规模化生产、疫苗的质量保证、临床试验等进行了全面的讨论，以便于为读者提供相关的背景知识。

总之，通过这些对疫苗研发的综合讨论，本书应该能为那些致力于研究制备改进的或是新的疫苗的人们提供有价值的相关信息。

<<疫苗关键技术详解>>

书籍目录

1 疫苗概述2 利用温度敏感突变技术制备的疫苗3 活病毒载体：具有复制缺陷特性的重组腺病毒的构建4 活病毒载体：痘苗病毒5 活病毒载体：西门利启森林病毒6 减毒沙门菌表达外源抗原的技术7 乳酸菌用于异源性抗原的表达和递送8 合成肽9 细菌毒素的遗传脱毒10 多糖结合疫苗的制备11 实验性疫苗的佐剂配方12 质粒DNA疫苗中联合使用免疫调节剂13 微囊疫苗抗原14 疫苗的冻干剂型：当前的趋势15 黏膜免疫刺激16 T细胞反应的诱导及检测17 构建MHC 类分子-肽四聚体复合物分析T细胞介导的免疫应答18 对功能性抗体应答的评价19 利用基因组全序列设计疫苗20 重症联合免疫缺陷鼠在疫苗评价中的应用21 临床试验22 疫苗质量和安全性的保证23 DNA免疫进展24 从研究到生产：疫苗研究者指南

<<疫苗关键技术详解>>

章节摘录

19.1.1 科研和商业方法 基因组全序列的获得为疫苗和药物设计提供了新的研究平台。事实上,从某种角度来看,基因组测序计划已含此初衷。的确,每个药物和候选疫苗或直接由基因组的基因编码,或产生于基因产物。随之带来的是有关能成为潜在疫苗的靶蛋白以及合成该蛋白的其他相关表面组分信息的拓展。但这是一个新兴的领域,并且从基因组序列中所选择的候选疫苗至今还未能成为应用于临床的新疫苗。

不过,这种方法将很可能被商业研究机构和实验室所采用,而资源的不同以及参研专家地域的不同也将会使其带来多样的前景以及对该领域的研究得以进一步加强。

目前人们还不清楚哪种方法最可能获得成功。当然,以大规模基因组筛选为导向的方法,正如商业公司所采用的策略那样,如果成功的话很可能在短期内发现新的候选者。

这种方法可看作是传统集群筛选(mass screening)的逆向思路,后者在抗生素的发现和和其他药物筛选过程中是人们所熟悉的方法。

在寻找新疫苗的研究中,有很多靶分子需要探讨,正若要确定抗某一特定微生物的目标而筛选大量化学物一样。

然而,细菌表面是在漫长的进化中由免疫反应选择产生的产物,并且由于这些生物体在健康的免疫系统中可能并不引起典型的单一感染或侵入,因而不能采用以筛选为导向的方法。

同样地,在疫苗设计中使用单个或一小部分基因组中的序列有可能识别出多数相对“株”特异性的抗原,但这些抗原或因为构象问题而被部分覆盖,或因为形成“逃逸”株而成为使用寿命短的疫苗。

但这些工作也可能在规模较小的实验室中,为探索较特定的问题而提出某些策略最终推动了疫苗研究的进程。

但不管怎样,基因组全序列信息的使用为疫苗的研究开发提供了良好的基础,对所提问题的本质和所能采用的方法都将产生相应的影响。

19.1.3 基因组序列信息的特性 在研究中,明确所使用信息的特性是很重要的。基因组序列是某个种属的一个株分离后的次代培养物的染色体序列,它的确具有被测生物所有可能的编码序列的信息,但其仍应该看作是单一的例子,而不是种属所具有的全部代表性信息。而所有的疫苗必须针对整个病原体群。

同样地,被测序列的起源、群体结构和组成特性必须被最终明确。由于在致病种属中,获得更多的基因组测序株已成为可能,它们的联合运用必然带来更为全面和健全的研究框架。

然而,这依旧是多个例子的汇集,要想获得具有代表性的信息仍需要同一种属中很多序列的信息。对此的研究目标和途径将在本章后续提到,但这些问题在任何疫苗设计的开始就应该考虑到。

19.1.3 以测序完成和未完成的序列为工作基础 在该研究中的方法依据于测序进展而改变,也就是测序可能处于不同的完成状态,或者已经完成测序。

需要明确的是,所有已完成的测序和记录都不可避免地存在某些错误,而且,一个种属基因组测序工作的完成尚不能说明所有的问题,它仍有大量的内容需要探讨。

很显然,如果研究将基于一个已存在课题或疫苗研制开发而有所延伸的话,则可以决定其序列信息所要针对的方向。

然而,不论实验室采用何种特定的方法,首先要通过某种途径鉴别出基因组序列中哪些信息具有潜在的应用价值,然后再对这些信息进行深入研究。

对这一过程潜在的缺陷,通常要在实际的验证中才能确定,但这些缺陷是能够采取其他方法而使之最小化的。

无论如何,分选法是非常必要的,因为不可能脱离需要研究的目的基因而对大量的信息进行一一探讨。

.....

<<疫苗关键技术详解>>

<<疫苗关键技术详解>>

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>