

<<蛋白质组学研究>>

图书基本信息

书名：<<蛋白质组学研究>>

13位ISBN编号：9787030272188

10位ISBN编号：7030272188

出版时间：2010-5

出版时间：科学出版社

作者：（澳）威尔金斯 等著，张丽华，梁振，张玉奎 等译

页数：168

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>

## <<蛋白质组学研究>>

### 前言

随着人类基因组全序列测定的完成，人类基因的注释与功能确认已成为生命科学面临的最重要任务之一。

在蛋白质组学水平上，对生命活动的功能执行体——蛋白质进行深入系统的研究，不仅有助于全景式地揭示生命活动的本质，而且对于研究疾病机制、发展预警、诊断和治疗方法均具有重要意义。

因此，基于组学技术发现具有重要生物学意义的蛋白质已成为21世纪最重要的研究领域之一，也是国际生物科技关注的战略制高点和竞争焦点。

自20世纪以来，我国的蛋白质组学研究发展十分迅速，并取得了显著成绩。

此外，《国家中长期科学和技术发展规划纲要》指出，“对蛋白质复杂多样的结构功能、相互作用和动态变化的深入研究，将在分子、细胞和生物体等多个层次上全面揭示生命现象的本质，是后基因组时代的主要任务。

同时，蛋白质科学研究成果将催生一系列新的生物技术，带动医药、农业和绿色产业的发展，引领未来生物经济”。

因此，我们相信，随着蛋白质组学研究成果的不断涌现，必将促进更多的科研人员投入到该领域的研究之中。

译者希望通过对《蛋白质组学研究——概念、技术及应用》一书的翻译，将原著作者——一些活跃在国际蛋白质组研究领域前沿的科研人员，对近10年来蛋白质组研究在样品预处理、质谱鉴定、定量分析、成像分析、数据处理、相互作用等方面的技术发展、生物医学领域的应用，以及未来发展方向的展望介绍给大家。

以期能为国内从事蛋白质组研究的研究者提供一些信息，并吸引更多的青年学者加入研究队伍。

本书统稿人张丽华研究员、梁振博士和张玉奎院士对参与本书翻译和校对的人员深表感谢。

也非常感谢科学出版社在本书出版过程中给予的理解、支持和帮助。

## <<蛋白质组学研究>>

### 内容概要

在蛋白质组学水平上，对生命活动的功能执行体——蛋白质进行深入系统的研究，不仅有助于全景式地揭示生命活动的本质，而且对于研究疾病机制、发展预警、诊断和治疗方法均具有重要意义。

本书在综述蛋白质组学近10年的发展历程基础上，探讨了蛋白质组在样品预处理、质谱鉴定、定量分析、成像分析、数据处理，相互作用等方面的技术发展，并介绍了蛋白质组学在生物、医学领域的应用。

此外，还对蛋白质组学未来的发展方向进行了展望。

本书可供生物、医学、化学、药学等领域的研究人员参考，也可作为高等院校相关专业本科生和研究生的参考书。

## &lt;&lt;蛋白质组学研究&gt;&gt;

## 书籍目录

译者序 再版序 再版前言 第1章 蛋白质组学的10年 1.1 蛋白质组学导引 1.1.1 蛋白质组学的含义是什么? 1.1.2 事情是否会有所不同? 1.2 技术推动了蛋白质组学的发展 1.2.1 蛋白质分离 1.2.2 质谱分析 1.2.3 数据解析 1.3 蛋白质组学传达了什么信息? 1.4 什么尚不清楚? 1.5 本书内容和相关结论 参考文献 第2章 基于电泳的蛋白质组样品制备与预分级技术 2.1 引言 2.2 常规的样品制备 2.3 人为修饰 2.3.1 半胱氨酸的还原与烷基化 2.3.2 半胱氨酸的—消除 2.3.3 赖氨酸的氨甲酰化 2.4 蛋白质组学的多元化研究方法 2.5 预分级技术 2.5.1 离心分级 2.5.2 色谱技术 2.5.3 电泳技术 2.6 用于样品预分级的其他方法 2.6.1 高丰度蛋白质的去除 2.6.2 均衡器颗粒 2.7 结论 参考文献 第3章 蛋白质组学中的蛋白质鉴定 3.1 引言 3.2 蛋白质鉴定中有用的属性 3.2.1 来源种类 3.2.2 蛋白质等电点 3.2.3 蛋白质分子质量 3.2.4 部分序列或序列标签 3.2.5 蛋白质氨基酸组成 3.3 蛋白质质谱鉴定技术 3.3.1 用于蛋白质鉴定的top-down和bottom-up策略 3.3.2 MS概述 3.3.3 基于肽质量指纹谱鉴定蛋白质 3.3.4 基于多级质谱的蛋白质鉴定 3.4 工具和网址列表 3.5 结语 参考文献 第4章 定量蛋白质组学 第5章 一个基因, 多个蛋白质 第6章 蛋白质组成像技术 第7章 蛋白质组学的数据集集成 第8章 蛋白质的相互作用 第9章 蛋白质组学在生物学中的应用 第10章 蛋白质组学: 下一步在哪里? 图版

## <<蛋白质组学研究>>

### 章节摘录

摘要到目前为止，蛋白质组学概念的提出已10年有余。  
每个周年纪念日都是回顾和思考我们称之为蛋白质组学的这个领域取得的新进展的良好时机。

哪些方面做得好？

哪些方面做得不好？

哪些方面取得了新的突破？

哪些方面我们还不太清楚？

本章将简要对蛋白质分离、质谱鉴定，以及蛋白质组生物信息学等方面的问题进行探讨。

1.1 蛋白质组学导引 本书编者们从事蛋白质组学研究皆已超过20年。

他们发展了分析蛋白质和蛋白质表达谱的技术（Williams et al.1991；Hochstrasser et al.1988），以及对应用这些技术得到的结果进行解释的软件算法和工具（Appel et al.1988；wilkins et al\_1995）。

尽管随着二维凝胶电泳的出现，研究人员可以一次性观察到基因组所能表达的全部蛋白质，而不再是一种蛋白质，然而蛋白质组的概念直到1994年才由MarcWilkins在意大利Siena的一次会议上提出（第一届Siena会议，二维电泳：从蛋白质图谱到基因组，1994年9月5~7日）。

该术语是他和他的博士导师KeithWilliams在1994年初创造的。

此后不久，使用这一术语的第一批论文发表了（wilkins et al.1995；Wasinger et al.1995），关于蛋白质组学的第一本书也于1997年出版（Wilkins et al.1997）。

自第一本书出版后，已经过去的10多年里，每个周年纪念日都是我们回顾和思考被称之为蛋白质组学的这个领域所取得的新进展的好时机。

哪些方面做得好？

哪些方面做得不好？

哪些方面取得了新的突破？

哪些方面我们还不太清楚？

在这里我们尝试就这些问题给出答案。

同时，也会对本书的内容加以简单评述。

<<蛋白质组学研究>>

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>