

<<营养基因组学>>

图书基本信息

书名：<<营养基因组学>>

13位ISBN编号：9787030341822

10位ISBN编号：7030341821

出版时间：2012-5

出版时间：蒋与刚、高志贤 科学出版社 (2012-05出版)

作者：蒋与刚，高志贤 编

页数：349

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>

<<营养基因组学>>

内容概要

营养组学是后基因组时代营养食品科学与组学交叉形成的一个新的分支学科，包括营养基因组学、营养转录组学、营养蛋白质组学、营养代谢组学、营养系统生物学等，主要从分子水平和人群水平研究膳食营养与基因的交互作用及其对人类健康的影响，进而建立基于个体基因组结构特征的膳食干预方法和营养保健措施，实现个体化营养。

蒋与刚、高志贤主编的《营养基因组学》在阐述组学技术原理与方法的基础上，重点介绍组学技术在营养科学、食品科学领域应用的最新进展，旨在帮助读者了解营养组学的研究背景、研究思路、基本方法和最新成果。

《营养基因组学》可供营养学、食品卫生学、预防医学、生物化学、分子生物学、生物技术等学科的科研工作者、研究生及医学院校有关专业的教师和高年级学生参考，对于综合性院校、农业院校相关专业的人员及科研管理、企业研发部门的人员也有参考价值。

<<营养基因组学>>

书籍目录

第一章 营养基因组学概论 第一节 功能基因组学技术概述 第二节 营养基因组学研究概况 第二章 基因组学技术 第一节 概述 第二节 DNA多态性分析技术 第三节 基因表达的差异显示技术 第四节 基因敲除和RNAi技术 第五节 基因芯片技术 第六节 悬浮基因芯片技术 第三章 蛋白质组学技术 第一节 基于双向电泳分离的蛋白质组技术 第二节 基于二维液相色谱分离的蛋白质组技术 第三节 蛋白芯片技术 第四节 悬浮蛋白芯片技术 第五节 蛋白质组技术的发展与未来 第四章 代谢组学技术 第一节 代谢组学的发展历程 第二节 代谢组学的研究对象及方法 第三节 代谢组学数据的处理和分析 第四节 代谢组学技术的应用 第五节 代谢组学研究的问题与展望 第五章 生物信息学技术 第一节 生物信息学的兴起与基本概念 第二节 生物信息学的研究内容与方法 第三节 生物信息学技术在生物医学研究中的应用 第四节 生物信息学研究展望 第六章 基因组学技术在营养学研究中的应用 第一节 基因组学技术在营养素功能研究中的应用 第二节 基因组学技术在营养与疾病研究中的应用 第三节 mRNA差异显示技术在营养学研究中的应用 第四节 基因多态性分析技术在营养学研究中的应用 第五节 基因芯片技术在营养学研究中的应用 第六节 研究实例 第七章 蛋白质组学技术在营养学研究中的应用 第一节 概述 第二节 蛋白质组学技术在基础营养研究中的应用 第三节 蛋白质组学技术在营养与疾病研究中的应用 第四节 蛋白质组学技术在植物化学物质功能研究中的应用 第五节 营养蛋白质组学研究展望 第六节 研究实例 第八章 代谢组学技术在营养学研究中的应用 第一节 代谢组学技术在基础营养研究中的应用 第二节 代谢组学技术在营养与疾病研究中的应用 第三节 代谢组学技术在其他营养相关研究领域中的应用 第四节 营养代谢组学研究展望 第五节 研究实例 第九章 基因组学技术在食品科学研究中的应用 第一节 基因组学技术在食品安全研究中的应用 第二节 DNA芯片技术在食品安全研究中的应用 第三节 研究实例 第十章 蛋白质组学技术在食品科学研究中的应用 第一节 蛋白质组学技术在食品科学研究中的应用 第二节 蛋白芯片技术在食品安全研究中的应用 第三节 研究实例 第十一章 代谢组学技术在食品安全研究中的应用 第一节 概述 第二节 代谢组学技术在动物源性食品兽药残留研究中的应用 第三节 研究实例 第十二章 营养基因组学研究展望 第一节 营养基因组学研究面临的挑战与机遇 第二节 营养基因组学与个体化营养 第三节 营养系统生物学研究的目的与策略 第四节 营养基因组学研究展望 附录一 组学常用词汇表 附录二 组学常见缩略词表 附录三 组学网址荟萃 附录四 营养组学重要国际组织、会议、期刊 彩图

章节摘录

版权页：插图：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1000Da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。

即便如此，代谢物的功能却并不限于代谢途径中某种酶的底物或产物，它们具有结构单元、能量的载体和储存体、信号分子、神经递质、转录和翻译的调控因子、辅酶、分子伴侣、肠道因子和诱变剂等诸多功效，在生命活动中以代谢网络的形式相互作用，参与生命活动的各个过程。

代谢网络处于基因调控网络、信号转导网络和蛋白质互作网络的下游，因此，代谢组学研究能反映基因组、转录组和蛋白质组受内外环境影响后相互作用的最终结果，更接近于反映细胞或生物的表型。

代谢组学已成为继基因组学、转录组学、蛋白质组学后的一个重要的组学平台，被广泛应用于医学、药学、动植物学、微生物学、环境科学、营养学等多个研究领域。

国际上代谢组学的研究萌芽于20世纪80年代，于90年代末期得到迅猛发展，以磁共振和色谱质谱为核心技术，逐渐得到广泛应用。

英国帝国理工大学和辉瑞等六大制药公司在COMET计划中率先采用代谢组学方法来评价药物的毒性，并取得了极大的成功；美国食品药品监督管理局（FDA）已尝试将代谢组学技术作为药物安全评价的一种方法。

代谢组学研究一般包括样品采集和制备、代谢组学数据的采集、数据处理、多变量数据分析、标志物识别和途径分析等步骤。

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，然后运用磁共振、质谱或色谱等技术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，以阐明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。

代谢组学通过考察生物体系受刺激或扰动前后代谢产物图谱及其动态变化，研究生物体系的代谢网络。

与转录组学和蛋白质组学比较，代谢组学具有以下优点：基因和蛋白表达的微小变化会在代谢物水平得到放大；代谢组学的研究不需进行全基因组测序或建立表达序列标签（EST）数据库；代谢物的种类远少于基因和蛋白的数目；生物体液的代谢物分析可反映机体系统的生理和病理状态。通过代谢组学研究，既可以发现生物体在受到各种内外环境扰动后的不同应答，也可以区分同种不同个体之间的表型差异。

代谢组学技术的核心部分是代谢产物的检测、分析与鉴定，所涉及的主要技术手段是磁共振（NMR）、质谱（MS）、液质联用（LC-MS）和气质联用（GC-MS），其中以NMR最为常用。

（一）磁共振技术 磁共振（nuclear magnetic resonance, NMR）是代谢组学研究的主要技术。通过检测一系列样品的NMR谱图，再结合模式识别方法，可以判断出生物体的病理生理状态，并有可能找出与之相关的生物标志物。

NMR技术是利用高磁场中原子核对射频辐射的吸收光谱鉴定化合物结构的分析技术，生命科学领域中常用的是氢谱（ ^1H NMR）、碳谱（ ^{13}C NMR）及磷谱（ ^{31}P NMR）三种，可用于体液或组织提取液和活体分析两大类，常用的是体液分析研究。

以 ^1H NMR为例，将准备好的生物标本包括各种体液或组织提取液直接上样检测即可。

所得的 ^1H NMR谱峰与样品中各化合物的氢原子对应，根据一定的规则或与标准氢谱比照可以直接鉴定出代谢物的化学成分，信号的相对强弱则反映了各成分的相对含量。

（二）质谱技术 与MS相比，NMR的优点在于能够对样品实现非破坏性、非选择性的分析，在接近生理条件下进行实时和动态的检测；且没有偏向性，对所有化合物的灵敏度都是一样的，而MS则有离子化程度和基质干扰等问题。

<<营养基因组学>>

NMR的缺点是对每个分子的化学和物理环境敏感，因此样品制备的要求很高；灵敏度较低；NMR的动态范围有限，很难同时测定生物体系中共存的浓度相差较大的代谢产物，所需硬件的投资也较大。总体而言，NMR技术应用更为广泛。

质谱（mass spectrometry, MS）技术是将离子化的原子、分子或是分子碎片按质量或质荷比（ m/z ）大小顺序排列成图谱，并在此基础上进行各种无机物、有机物的定性或定量分析。

新的离子化技术使质谱技术的灵敏度和准确度大大提高。

将预处理的体液或组织加至质谱仪，经过汽化、离子化、加速分离及检测分析后即可得到相应代谢产物或代谢组的图谱。

图谱中每个峰值对应相应的分子质量，结合进一步的检测分析可以部分鉴定出化学成分及半定量关系。

不同组别的质谱图存在差异，可进行代谢产物指纹分析，对其加以区别、鉴定，有助于研究代谢的变化规律及标志性代谢产物。

根据代谢组学的研究需要，质谱技术还常与气相色谱（GC）、液相色谱（LC）等技术结合，以提高分析的分辨率和灵敏度。

<<营养基因组学>>

编辑推荐

《营养基因组学》由科学出版社出版。

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>