

<<人类病毒性疾病>>

图书基本信息

书名：<<人类病毒性疾病>>

13位ISBN编号：9787117121897

10位ISBN编号：7117121890

出版时间：2010-6

出版时间：人民卫生出版社

作者：刘克洲 等编著

页数：1112

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>

<<人类病毒性疾病>>

前言

近20多年来,随着现代分子生物学技术的迅速发展和应用,病毒性疾病的研究从细胞水平进入分子水平,新的引起人类病毒性疾病的病毒因子不断被发现,有关病毒基因结构、基因复制、基因表达调控以及病毒感染的分子机制等不断得到揭示,从而推动了病毒性疾病诊断、治疗和预防的深入发展,并取得了显著成就。

WHO于1980年正式宣布在全球彻底消灭天花,脊髓灰质炎也将于近年内被根除,许多病毒性传染病如麻疹、风疹等得到很好控制,发病率明显下降。

但人类仍然面临着病毒性传染病的严重威胁。

在我国,病毒性传染病尤为突出。

如我国是病毒性肝炎高发区,以乙型肝炎危害最甚。

据测算,全国约有10亿人口,人口携带乙型肝炎病毒(HBV),有5%~10%,慢性乙型肝炎患者将有可能发展为肝硬化和肝癌,是严重危害我国人民健康的主要疾病之一。

流感是一种至今尚无法完全控制的急性呼吸道病毒性传染病,近年研究表明,自1968年以来,绝大多数流感病毒新变种也均首发于我国,我国流感动态已引起WHO和世界各国的关注。

其他如流行性出血热、病毒性肺炎、病毒性脑炎、病毒性腹泻、狂犬病等病毒性疾病的流行还很猖獗。

老的危害严重的病毒性疾病仍在流行的同时,新的病毒性疾病又不断被发现和证实。

在新发现的病毒性疾病中,艾滋病危害最为严重,自1981年发现以来,全球累计已有1630万人死于艾滋病。

当前携带艾滋病毒(HIV)者已达3400多万人,在我国HIV感染者已超过50万,专家估计几年后,如不积极控制,HIV感染者可能会超过100万。

尽管世界各国极为重视艾滋病的防治研究,投入了大量人力和物力,但迄今尚未取得根本性突破。

朊病毒病的发现使世人震惊,其病原体为朊病毒(Prion)。

与传统的病毒体概念不同,朊病毒不具有核酸,但具有高度传染性,可通过异常的方式和医源性传染途径感染人类。

所有朊病毒引起的疾病均为致死性疾病,目前无特效治疗。

虽然这种病的绝对数字不高,但其增长速度却令人担心。

此外,埃博拉出血热、汉坦病毒肺综合征等都是致死性很强的疾病。

病毒性疾病已涉及临床医学的各个领域,并发现许多非传染性疾病也与病毒感染有关,如某些肿瘤的发生和发展与病毒感染密切相关。

所以,加强人类病毒性疾病的研究,控制乃至消除病毒性疾病对人类的危害是新世纪的重要任务,《人类病毒性疾病》一书的出版正是适应了这种需求。

<<人类病毒性疾病>>

内容概要

本书是由国内14所著名医学院校和医院的基础与临床医学专家共同编写的大型参考书。全书分三部分，上篇为总论，阐述病毒的基础理论；中篇以病毒最新分类分别介绍各种人类病毒性疾病，主要内容为病原学特点、流行病学、发病机制等基础内容，并密切结合临床，对各种病毒性疾病的诊断、治疗和预防详细阐述；下篇则侧重临床，介绍临床各科病毒性疾病或与病毒相关的疾病。

三篇内容各有侧重，又互相补充。

编委及大部分编写者均为我国从事病毒性疾病研究卓有成就和具有丰富临床经验的专家、教授。

引用的参考文献以近5年发表的为主，书后附有中英文索引，便于查询。

本书适用于从事病毒性疾病基础研究和临床相关学科医务人员及卫生防疫人员以及研究生参考，也可作为医学院校以及医疗卫生机构图书馆藏书。

<<人类病毒性疾病>>

作者简介

刘克洲，男，1937年8月出生。

1960年3月浙江医科大学毕业，留校任教。

现为浙江大学医学院附属第一医院教授，主任医师，博士生导师。

曾作为访问学者赴德国吕贝克医科大学进行病毒性肝炎研究。

曾任浙江大学医学院附属第一医院传染病研究所所长、卫生部病毒性传染病重点实验室主任，卫生部全国卫生标准技术委员会传染病分委会委员，中华医学会肝病学会常务委员，第三届肝炎学组组长，中国中西医结合学会肝病专业委员会副主任委员，国际传染病协会会员，现任中国肝炎防治基金会第三届理事会专家委员会委员。

从事传染病教学、科研和临床工作49年，曾主持和参加多项国家和省级科研项目，在中外杂志发表论文和综述230余篇，主编《人类病毒性疾病》、《实用肝脏病手册》，参编《传染病学》等著作20余部。

曾获全国科学大会奖一项（1978年）、浙江省科技进步二等奖5项（1991年，1997年，1998年，1999年和2000年），三等奖4项，省厅级科技进步一等奖多项。

1992年起享受国务院颁发的政府特殊津贴。

陈智，男，1956年9月出生。

1992年浙江医科大学博士研究生毕业，曾多次赴美国、德国、日本等国进行访问、进修和合作研究。

现任浙江大学医学院党委书记兼副院长、传染病诊治国家重点实验室副主任、浙江大学传染病研究所副所长、博士生导师；中华医学会肝病学会常委、中华医学会热带病与寄生虫病学会委员、浙江省医学会传染病和寄生虫病学分会主任委员、浙江省医学会病毒学分会副主任委员、浙江省微生物学会理事长。

主要从事病毒性肝炎的发病机制、诊断及治疗领域的研究工作，获得国务院特殊津贴，在国内外发表论著200余篇，获中华人民共和国国家知识产权局授权的发明专利7项，浙江省科技进步一等奖1项、二等奖多项。

目前承担多项国家和省、部级重大研究课题。

<<人类病毒性疾病>>

书籍目录

上篇 总论 第一章 绪论 第二章 病毒的结构与分类 第三章 病毒的复制和变异 第四章 病毒基因表达与调控 第五章 病毒编码蛋白及其功能 第五章 病毒编码蛋白及其功能 第六章 病毒感染与免疫 第七章 病毒的致病作用 第八章 病毒性疾病的流行病学 第九章 病毒性疾病的诊断方法 第十章 病毒性疾病的治疗 第十一章 病毒性疾病的预防中篇 临床病毒性疾病 第十二章 痘病毒科病毒性疾病 第十三章 疱疹病毒科病毒性疾病 第十四章 腺病毒科病毒性疾病 第十五章 乳头瘤病毒科与多瘤病毒科病毒性疾病 第十六章 细小病毒科病毒性疾病 第十七章 嗜肝DNA病毒科病毒性疾病 第十八章 逆转录病毒科病毒性疾病 第十九章 呼肠孤病毒科病毒性疾病 第二十章 博尔纳病毒科病毒性疾病 第二十一章 弹状病毒科病毒性疾病 第二十二章 丝状病毒科病毒性疾病 第二十三章 副粘病毒科病毒性疾病 第二十四章 正粘病毒科病毒性疾病 第二十五章 布尼亚病毒科病毒性疾病 第二十六章 沙粒病毒科病毒性疾病 第二十七章 小RNA病毒科病毒性疾病 第二十八章 杯状病毒科病毒性疾病 第二十九章 星状病毒科病毒性疾病 第三十章 冠状病毒科病毒性疾病 第三十一章 披膜病毒科病毒性疾病 第三十二章 黄病毒科病毒性疾病 第三十三章 分类未定病毒性疾病 第三十四章 慢病毒感染下篇 重要脏器、系统病毒性疾病 第三十五章 朊粒感染 第三十六章 呼吸系统病毒性感染 第三十七章 消化系统病毒性感染 第三十八章 泌尿生殖系统病毒性感染 第三十九章 心血管系统病毒性感染 第四十章 造血系统和淋巴系统病毒性感染 第四十一章 眼耳鼻喉病毒性感染 第四十二章 神经、肌肉、关节系统病毒性疾病 第四十三章 宫内和围生期病毒感染 第四十四章 病毒感染与肿瘤 第四十五章 病毒感染与自身免疫疾病 第四十六章 免疫低下与病毒感染 第四十七章 器官移植与病毒感染 第四十八章 医院病毒感染 第四十九章 病毒性疾病与生物恐怖 第五十章 Reye综合征 第五十一章 慢性疲劳综合征英文索引中文索引

<<人类病毒性疾病>>

章节摘录

百万亿个细胞和数万个基因。

基因在不同细胞里的表达形式是不一样的，是组织和器官多样性的基础。

此外，就基因序列在个体之间的不同而言，我们又有数百万个基因在人群间的不同，这些不同构成人群在肤色、体能、疾病易感性、免疫能力及寿命等诸多生命现象上的差异。

致病微生物和宿主之间的相互作用是一个非常复杂的过程，感染与否以及感染后临床的不同转归受多种因素影响，包括对致病微生物的暴露机会、致病微生物间的毒力差异、个体的健康状态和宿主的遗传因素等。

以往人们对感染病常集中于描述性的宏观流行病学和病原学研究，因为人们常误认为感染致死的主要原因是由于病原暴露或恶劣的环境，而忽视宿主因素尤其是遗传因素在感染及感染后疾病进展中的重要作用。

在对结核杆菌、麻风杆菌、疟原虫和幽门螺杆菌等感染的孪生子研究强烈提示遗传因素在致病中的重要作用，尤其是慢性病。

除极少数因免疫系统基因缺陷而引发的感染属于遵循孟德尔遗传模式的单基因病以外，绝大多数传染性疾病属于典型的多基因疾病（复杂性状），是致病微生物和宿主之间在长期的进化过程中交互作用的结果。

不同人群或个体对传染性疾病易感性的差异和疾病进展严重程度的差异可能是机体少数几个“主要基因”（major genes）或多个“次要基因”（minor genes）的累加联合病原微生物的作用所致。

目前国际上已掀起了多基因疾病研究的热潮。

人类是一个具有多态性的群体，不同群体和个体在对疾病的易感性、抵抗性以及其它生物学性状（如对药物的反应性等）方面的差别，其遗传学基础是人类基因组DNA序列的变异性，而这些变异中最常见的是单核苷酸多态性（single nucleotide polymorphism, SNP），在500~1000个碱基对中就有一个SNP。

已知多基因疾病是由多个基因的累加作用和某些环境因子作用所致，这些基因的SNP及其特定组合可能是造成疾病易感性最重要的原因。

因此，对疾病相关调节通路的候选基因进行SNP的关联研究，可能是多基因疾病研究取得突破的希望所在。

人类基因组计划酝酿于1984年，经过十余年的技术准备工作才开始大规模DNA序列的测定工作。其主要的目的就是获取一个典型人类基因组的全部编码信息。

人类基因组学研究的总体计划分为几个阶段。

第一阶段就是完成一个人的基因组，这就是人类基因组计划。

第二阶段是要完成几百个人的人类基因组多样性的“单倍体型图”，这个计划花了3年的时间。

下一阶段，将完成每个人的基因组序列测定。

从基因组图到基因组多态性图，包括中国、非洲、欧洲等各个群体，最后达到完成个体化基因组的目标是基因组研究的基本路线。

第一阶段目标分两部分，分别完成于2001年和2003年：人类基因组的框架图和完成图。

此外，还有一条路线是测定不同模式生物的基因组，用来解释和注释人类基因组的内容和功能，被称为比较基因组计划。

欲解释人的基因组功能必须做很多实验，又不能用人来做实验，只能用动物做实验。

因此，将用灵长类、哺乳类、脊椎甚至单细胞生物来做实验，通过这些试验的结果来解释人类基因的功能。

与此同时，我们还要测定疾病相关基因的变异图。

在这个计划下面包括癌症基因组计划、病原体基因组计划、常见疾病的基因组计划等等。

<<人类病毒性疾病>>

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>