

<<微生物蛋白质组学>>

图书基本信息

<<微生物蛋白质组学>>

前言

本书我们尝试重新组织了一批在微生物蛋白质组学——整体功能生物学方面最有造诣的科学家，为这个学科提供一个总体概览。

目前还没有一个科学团体能更好地理解 and 阐释整个机体的生物学功能，因此，本书在这个几乎是人迹罕至的领域中前进了很长一段距离，尤其在更多的细节和焦点问题方面。

这本书旨在使专家和初学者能够深入地探究这个迷人领域背后的东西，并且开始有意识地处理更加深奥的概念，比如，在一个最简单的机体内定义生命本身和生命的过程。

薛定谔 (Schrödinger) 在其作品《生命是什么》(What is life, 剑桥大学出版社, 1945年) 中, 在定义包含必要信息的系统的性质方面取得了显著的进步, 即他的非周期性晶体。

不久之后, 冷泉港实验室的 Hershey (1908 ~ 1997) 和他的助手 Martha Chase (1923 ~ 2003) 指出, 噬菌体病毒的脱氧核糖核酸 (DNA) 而不是蛋白质承载着噬菌体的基因, 也就是生命的密码。

在获得与本教科书中相类似的大量关键实验数据之后, 我们现在能够更进一步, 可以提炼生命系统的共同特征, 并进一步地定义生命自身的特性。

这种定义能将我们对这些复杂现象的理解精确地限制在一些有限的参数中。

在过去的半个世纪里, 随着了解的更加深入, 我们正逐渐认清这些精确地组成一个生命系统的数学限定和观测限定。

如微生物, 因为相对简单, 它们成为广泛的实验研究的操作对象, 这些研究针对两个生物学的需求——改善疾病的预防和治疗, 以及更好地理解整个机体的生物学功能。

在本书中, 我们将看到大量很好的分析部分和整体模型的还原分析法例子。

未来的工作将会面临更加使人畏惧的任务, 即在生命系统内不同时空尺度上的这些信息之间建立更深入的联系, 和整个外界环境之间的联系——所有这一切的目的都是为了生存和应对环境压力。

接下来几十年的研究方向主要致力于微生物的生理学、环境生态学和生物化学的研究, 而从分子组成作为详细知识库的角度来看, 我们研究机体整体行为的能力也仅仅是在最近10年才成为可能, 即从 Fleishman 等在1995年6月的“Science”上发表第一个细菌的基因组测序结果开始。

巧合的是, 也是在1995年6月, Wasinger 等在科学期刊“Electrophoresis”上第一次使用并定义了蛋白质组学。

在过去的10年中我们看到了应用于微生物系统的基因组学、转录组学、蛋白质组学和系统建模。

学术上和商业上的刺激无疑是这些研究的推动力, 也就是第一次可以对全基因组、基因产物的分析进行预期并可以在严格条件 (例如恒化器) 下进行实验控制。

虽然微生物在实验上的易改造性可能是吸引人的, 但事实却可能有某些不同, 即知识库开始需要进一步回答表型方面的问题, 并全面认知所有生物系统固有的高度的复杂性。

对于生命过程中包含的分子和原子, 必须完全忘记它们在细胞内和处在宇宙其他地方的区别。

也就是说, 在宇宙中的规律必须适用于每个分子, 无论它出现在哪里。

准确理解生命系统的困难和挑战主要在于: 活细胞是怎样保证分子有序工作的? 大部分的答案都将其归因于时空上的隔离并通过保持反应物的分离来维持生命过程。

也就是生命艺术的最伟大之处在于阻止生命的停息。

事实上, 尽管有了日益完整的实验数据, 但我们只是刚刚触及从细胞或组织代代相传的生命力的表面。

虽然如此, 正如书中所说的那样, 现在我们可以精确地计算与细胞半衰期 (细胞加倍时间) 相关联的信息、不同时间核糖核酸 (RNA) 和蛋白表达的水平、RNA 与蛋白合成和降解速率、在细胞内时空上的隔离、代谢的产物, 处理包括影响生理阈值的正负反馈通路的复杂生化过程的系统化模型。

反过来, 后者赋予了整个细胞一个特定的生物活性。

从一个初始起点——由前代获得的结构单元开始, 子代必须管理细胞内的分子浓度, 并且使用它的遗传装置来应答细胞在面对环境压力、各种冲击以及持续生存需要等方面时对细胞的需求。

细胞内组分和分子丰度的平衡而后必须处理令人惊骇的96万亿个不同的蛋白质相互作用的可能性, 在

<<微生物蛋白质组学>>

大肠杆菌蛋白质组表面上的5mer结合位点的多样性促成了如此多的相互作用（Humphery?Smith和Gestel，未发表的数据）。

我们希望读者能够与这门令人着迷的微生物蛋白质组学——整体功能生物学的学科有一个精彩的相聚。

<<微生物蛋白质组学>>

内容概要

本书对微生物蛋白质组学给予了一个详尽的分析和描绘，重点介绍了最新进展和应用以及未来的研究方向。

本书的作者们向我们展示了较为简单的微生物在改善疾病预防、治疗以及增加对整个生命体功能生物学的理解方面的大量实验操作，以及这些微生物如何以及为什么能够成为如此有吸引力的研究对象。特别是，本书揭示了微生物蛋白质组学分撇口何在药物的发现方面发挥作用，包括鉴别新的靶点、新的诊断标记物以及前导物的优选。

每个章节都是由该领域的一个或多个权威专家撰写，并被仔细地编排以确保本书保持系统性和连贯性。

本书重点强调了目前最有前景的研究策略、相关方法、技术以及工具。

关键主题包括以下部分：从蛋白质组学角度阐述微生物的致病机理 全细胞建模 结构蛋白质组学和计算分析 生物大分子间的相互作用 生理蛋白质组学 使用蛋白质组学数据进行代谢重建 本书在呈现蛋白质组学数据实际应用情况的同时，也明确说明了该领域的局限性，指出未来需要进一步研究的方向。

由国际公认的专家提供的方法和技术在书中均有讲述，因而本书适用于生物化学、微生物学、分子生物学、遗传学、生物医学和药学、生物工程以及兽医学等领域中从事相关研究工作的教师和学生阅读参考。

<<微生物蛋白质组学>>

书籍目录

第一篇 微生物 / 模式生物的蛋白质组学研究 第1章 微生物的整体生物学：基因组学、转录组学和蛋白质组学 第2章 动态性测量的策略：蛋白质组学的暂时组分 第3章 探寻“全蛋白质组覆盖率” 第4章 肺炎支原体的蛋白质组 第5章 古细菌蛋白质组学第二篇 蛋白质组学和细胞生理学 第6章 通过蛋白质组分析阐明单核细胞增生李斯特菌的酸胁迫机制 第7章 细菌蛋白质组在饥饿情况下的氧化 第8章 两种金属还原菌的研究：硫还原土杆菌PCA和奥奈达希瓦菌MR-1的比较蛋白质组学分析 第9章 AMT标签方法确定耐放射性异常球菌和奥奈达希瓦菌的蛋白质组特征第三篇 工业菌的生理蛋白质组学 第10章 重要的工业菌——谷氨酸棒状杆菌的蛋白质组学 第11章 乳酸乳球菌的蛋白质组学：一个食用细菌的表型 第12章 枯草芽胞杆菌分泌组的蛋白质组学研究第四篇 病原微生物的蛋白质组学 第13章 在蛋白质组水平上研究细菌致病机制 第14章 应用蛋白质组学方法阐明迟钝爱德华菌发病机制 第15章 一个致死性细菌的计算分析和结构蛋白质组学：从多条战线与结核分枝杆菌作斗争 第16章 植物病原性卵菌和真菌的蛋白质组学研究 第17章 从蛋白质组学洞察白色念珠菌的生物学和致病性 第18章 蛋白质组学在念珠菌病的诊断、治疗和预防中的作用 第19章 为开发针对布鲁杆菌属的细菌菌蜕疫苗寻找候选蛋白质 第20章 基因组学和蛋白质组学在反向疫苗中的应用第五篇 蛋白质组数据库、生物信息学和生物模型 第21章 用于蛋白质组计算机分析的数据库和资源 第22章 微生物蛋白质的种内与种间比较：获得有关基因祖先、蛋白质功能以及物种生活方式的信息 第23章 微生物代谢的分子动力学模型参考文献索引

<<微生物蛋白质组学>>

章节摘录

第一篇 微生物 / 模式生物的蛋白质组学研究 第1章 微生物的整体生物学：基因组学、转录组学和蛋白质组学 1.1 引言 生物的表型是由环境和其遗传物质决定的，因此了解基因组、转录组和蛋白质组之间的关系是生物学研究的基本目的之一。

在过去的10年中，定量生物学分析已经在基因组、转录和翻译水平逐步展开，这在大规模DNA测序、基因组范围的遗传分析、DNA和蛋白质芯片以及与质谱联合能对蛋白质进行快速、高灵敏分析的双向电泳（2DE）或多维液相色谱（LC）中得到充分体现。

基因组学研究的进展是令人惊叹的，包括人类基因组在内的超过160种生物已完成全基因组分析，而这一点蛋白质组研究根本无法比拟。

尽管取得如此成就，但是任何一个特定的基因组能为相应细胞活动所提供的信息是微不足道的，要更好地了解细胞的结构、生物学特性以及病理过程，将需最终挖掘由这些基因组所编码的蛋白信息——蛋白质组学。

本章的目的在于强调蛋白质组学对我们掌握的有机体的整体微生物学（whole-organism microbiology）知识所做出的贡献。

蛋白质组学研究领域已经从最初用2DE显示大量的蛋白质慢慢延伸至整合了许多新技术、对所有蛋白质表达的全局洞察，这是基因组科学所必需的，因此蛋白质组学研究已经被赋予一个更强大的科学领域。

对蛋白质的定量测定、蛋白质表达模式的改变和细胞内蛋白质的相互作用等的关注给予蛋白质组学一个前所未有的新的成熟水平。

1.2 蛋白质组的展望 不像基因组测序，到目前为止还没有完成任何一个生物的蛋白质组，因为蛋白质组的终点还不确定。

尽管如此，研究某一基因组的所有蛋白质是可行的。

对于鉴定和分析这类复杂生物样品的最大挑战是其集中了各种变异性，因为它们包含了所有蛋白质的理化特性并且依赖于体内外参数。

这些参数导致了蛋白质组的复杂性，在表型上显示为相关蛋白质的丰度变化、修饰或断裂（如酶切割）、分子或蛋白质相互作用的改变、复合物的形成或裂解以及蛋白质的存在或缺失。

蛋白质组的复杂性可从三个方面得到解释：进化的复杂性（evolutionary complexity），内在的复杂性（internal complexity）和样品的复杂性（sample complexity，以后将谈到）。

<<微生物蛋白质组学>>

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>