第一图书网, tushu007.com

<<化学基因组学>>

图书基本信息

书名：<<化学基因组学>>

13位ISBN编号：9787030205605

10位ISBN编号：703020560X

出版时间：2008-4

出版时间：科学出版社

作者：DARVAS 编

页数：206

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

内容概要

本书由该领域的国际知名专家撰写，是第一本全面的化学基因组学专著，全面讨论了化学基因组学的各个专题，以及从相关计算机芯片到实验等的相关技术。
第一部分描述了化学基因组学的定义和基本概念，包括从计算机芯片化学基因组学到基于芯片／微阵列等的主要技术。
第二部分专注于特殊技术，讨论了小分子探针研究特异基因产物方法的出现和应用实例。
最后3章是药物发现相关领域的研究实例，进一步强调了化学基因组学是多个研究方向相互关联的综合性研究方法，如脂质组学、神经递质的药学基因组学方向，以及DNA专利的近似线性配对算法。
　本书可供药物化学、分子生物学、生物信息学等专业科研人员参考，也可作为药物化学专业教材使用。

<<化学基因组学>>

书籍目录

前言第1章 什么是化学基因组学?第2章 芯片上的化学基因组学 2.1 引言 2.2 将计算机技术应用到化学基因组学 2.2.1 蛋白质结构 2.2.2 蛋白质的同源模建 2.2.3 选择适当的小分子 2.2.4 蛋白质功能的预测 2.3 案例研究 2.3.1 同源模型构建 2.3.2 基于蛋白质序列的方法 2.3.3 基于蛋白质结构的方法 参考文献第3章 化学基因组学过程的优化 3.1 引言 3.2 化学基因组学的化合物库 3.2.1 化学基因组学化合物库的设计 3.2.2 化合物质量 3.2.3 数据分析及整合 3.3 筛选进展：化学基因组学途径 3.3.1 靶点的产生 3.3.2 分析平台 3.3.3 离子通道筛选的化学基因组学方法 3.3.4 确立设计一个持久有效的分析过程 3.3.5 重要的动力学因素 3.3.6 分析过程的稳定性以及验证 3.3.7 小结 3.4 HTS技术及过程 3.4.1 选择HTS平台 3.4.2 该途径的量度（n个靶点×y个化合物） 3.4.3 假阳性和假阴性可接受的比率 3.4.4 合适的精密度和准确性 3.4.5 来自不同筛选阶段的数据信息 3.4.6 HTS平台与化合物处理的整合 3.5 结论 致谢 参考文献第4章 化学基因组学中基于微芯片技术的高通量筛选 4.1 引言 4.2 微阵列 4.2.1 转录组学（transcriptomics）：DNA阵列 4.2.2 化学基因组学：小分子阵列 4.2.3 蛋白质组学：大分子阵列 4.2.4 基于细胞的阵列：细胞组学方法 4.3 微流体 4.4 小结与展望 致谢 参考文献第5章 小分子在化学基因组学中的应用：有前景的高通量方法 5.1 引言 5.2 小分子在化学基因组学/蛋白质组学中：单一化合物方法与文库方法 5.2.1 单个化合物作为探询配体 5.2.2 化合物库 5.3 库的设计与选择 5.3.1 化学基因组学中小分子探针的设计 5.3.2 基于组合片段的设计 5.3.3 动态配体自组装 5.3.4 用于产生选择性GPCR配体的多结合位点方法 5.3.5 用于设计筛选片段的Graffinity方法 5.3.6 基于片段的高通量结晶 5.3.7 ADME倾向性的设计：透膜小分子库 5.4 复用与高通量技术 5.4.1 高通量基于细胞的检测（细胞阵列） 5.4.2 反向双杂交体系 5.4.3 平行亲和柱分离 5.4.4 平行凝胶排阻色谱法（parallel size-exclusion chromatography）：复杂混合物中快速亲和选择 5.4.5 化学微阵列 5.4.6 组合tehtering用液相平行合成 5.5 小结 致谢 参考文献第6章 用于快速蛋白质鉴定的多功能光探针 6.1 引言 6.2 主要光活性基团的化学性质 6.3 提高光亲和标记通量的生物素化重氮甲烷 6.4 在固态基质上的光亲和标记 参考文献第7章 定义脂质组：一个新的治疗靶标 7.1 引言 7.2 治疗学中主要的脂质组学靶标 7.2.1 磷酸肌醇 7.2.2 神经鞘脂类 7.2.3 溶血磷脂类 7.3 脂质组分析的方法 7.3.1 分析型脂质组学 7.3.2 功能性脂质组学 7.4 结语 参考文献第8章 多巴胺能神经递质相关的基因多态性的药物毒理学表现 8.1 多巴胺系统的概述 8.1.1 多巴胺的合成、功能和代谢 8.1.2 主要多巴胺能系统及与精神病理学的关联 8.1.3 多巴胺系统的遗传药理学 8.2 鉴定基因多态性的方法 8.3 多巴胺受体 8.3.1 多态的多巴胺D2受体基因 8.3.2 多巴胺D2受体的遗传药理学 8.3.3 多巴胺D3受体基因的多态性 8.3.4 多巴胺D3受体基因的遗传药理学 8.3.5 高多态的多巴胺D4受体基因 8.3.6 多巴胺D4受体的遗传药理学 8.4 多巴胺转运体 8.4.1 多巴胺转运体及其变异体 8.4.2 多巴胺转运体的遗传药理学 参考文献第9章 用于药学产业中DNA专利申请评估的近似线性配对算法 9.1 引言 9.2 结果 9.3 结论 参考文献

章节摘录

第1章　什么是化学基因组学？

对于生物学的探索不仅要靠科学探索精神，更需要生物或者化学工具的操作系统的发展来推动。
在20世纪后半叶，生物系统的研究已经从细胞水平上升到分子水平。
很多生物（包括人类）的全基因组测序的完成，使人们对生物的理解产生了翻天覆地的变化。
现在，着眼于生物体并在器官、组织、细胞、亚细胞及分子水平进行剖析已经不是人们关注的焦点，因为虽然已经在分子水平的研究上达到了相当精密的程度，但是关于这些分子之间的相互作用，以及如何整合在一起作为功能单位的机制还知之甚少。

很多基因水平上的数据和生物学工具在应用上是很有价值的，包括小分子干扰RNA（siRNA）、反义技术（antisense）、基因敲除技术（knock-out）、转基因技术（transgenics）、抗体技术（antibody）及群体遗传学（population genet—ics）。
这些技术手段可以针对一个靶基因，也可以针对多个靶基因应用。
然而，人类基因组中有约30 000个基因，上述技术不能很好地阐明每个基因的生物功能，同时耗时长，成本昂贵，以及耗费时间和资源。
因此，这些生物学工具更基本的应用可能是在基因组子集水平的研究上，以提供充分的数据进行计算并验证相关理论的可靠性。
目前对于基因组的许多基因，通过干扰相关基因只能进行很有限地预测分析并推断某个基因的功能。

在应用这些技术确证已知药物的特定蛋白靶标前，药学和基因组学长久以来都是两个相对独立的领域。
对于药物与靶点之间相互作用的研究，以及在分子水平上逐步深入地理解靶点在特定生物途径中的作用角色，已使目前市场上的药品数量和性质都有很大的突破。
然而，目前基因组中的基因只有很少一部分作为药物的靶标。
虽然干扰基因组中一些基因之间的相互作用并不一定会带来治疗上的生理后果，但是并不代表全部重要的药物靶点都已经被确证了。

……

第一图书网, tushu007.com

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