

<<药物研究中的蛋白质组学>>

图书基本信息

书名：<<药物研究中的蛋白质组学>>

13位ISBN编号：9787030205629

10位ISBN编号：7030205626

出版时间：2008-4

出版时间：科学出版社

作者：M·哈马驰

页数：272

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>

<<药物研究中的蛋白质组学>>

内容概要

本书主要介绍如何在药物研发中应用蛋白质组学技术进行新药开发，不仅包括蛋白质组相关技术、原理及其综合运用，还包括科研工作中必需的管理性知识。

书中介绍了蛋白质二维凝胶电泳、质谱、液相色谱、芯片等蛋白质组学技术的基本原理，以及这些技术相互之间的综合运用，还详细介绍了它们在具体研究领域中的应用和进展。

本书可供生物化学、分子生物学、蛋白质组学、免疫学、功能基因组学等生命科学相关领域的研究所、高校教师、研究生和科研人员参考使用。

<<药物研究中的蛋白质组学>>

书籍目录

译者序序前言第一篇 简介 1 优化蛋白质组网络管理, 促进药物开发 1.1 引言 1.2 管理的任务和目标 1.3 网络 1.4 生物标记物的评估 1.5 药物开发中蛋白质组网络的建设 1.6 管理网络的实现: 脑蛋白质组计划 1.6.1 国立基因组研究网络: 人脑蛋白质组计划 1.6.2 人类蛋白质组组织: 国际脑蛋白质组计划 2 蛋白质组数据的标准化、存储和交换 2.1 引言 2.2 蛋白质分析工具 2.2.1 UniProt 2.2.2 InterPro 2.2.3 Proteome-Analysis I) atabase 2.2.4 Inteinational Protein Index 2.2.5 Reactome 2.3 数据的存储和提取 2.4 蛋白质组学标准化预案 2.5 通用蛋白质组学标准 (GPS) 2.6 质谱分析 2.7 分子间的相互作用 2.8 总结第二篇 蛋白质组技术 3 差异凝胶电泳 (DIGE): 临床研究的新一代二维凝胶电泳 3.1 引言 3.2 差异凝胶电泳 (新一代蛋白质2-DE检测技术) 3.2.1 DIGE CyDye最小量荧光标记的应用 (CyDye最小量荧光的最小量标记) 3.2.2 DIGE CyDye饱和量荧光标记的应用 3.2.3 DIGE蛋白质组分析中统计学的应用 4 物质谱: 基础研究及药物研发相关技术 4.1 引言 4.2 电离理论 4.2.1 基质辅助激光解吸电离 (MALDI) 4.2.2 电极喷射电离 4.3 质谱设备介绍 4.4 蛋白质鉴定方法 4.5 用于比较和功能蛋白质组学的定量质谱 4.6 代谢标记法 4.6.1 N标记 4.6.2 细胞培养中含有稳定同位素的氨基酸标记 (SILAC) 4.7 化学标记法 4.7.1 蛋白质水平的化学法同位素标记 4.7.2 肽段水平的稳定同位素标记 4.8 定量MS: 解密蛋白质-蛋白质相互作用 4.9 总结 5 蛋白质组学中的多维液相色谱——我们身在何处? 5.1 引言 5.2 为何需要MD-LC / MS? 5.3 MD-LC / MS方法的基本内容 5.3.1 概述 5.3.2 需要考虑的问题 5.3.3 样品的纯化 5.3.4 MD-LC的多相系统选择 5.3.5 操作部分 5.3.6 尖端技术 含酶解技术 5.4 MD-LC在蛋白质组学中的应用——现状简介 5.5 样品的纯化: 克服蛋白质组学分析“瓶颈”的方法 5.6 总结 6 多肽组学技术及其在药物研究中的应用 6.1 引言 6.2 药物研究中的肽 6.2.1 肽的研究历史 6.2.2 多肽的简易生化特性 6.2.3 多肽药物 6.2.4 多肽生物标记物 6.2.5 临床多肽组学 6.3 多肽组学技术的发展 6.3.1 多肽分析方法进展 6.3.2 多肽组学概论 6.3.3 对内源性多肽的Top-Down鉴定 6.4 差异多肽组学的应用 6.4.1 药物开发中的多肽组学 6.4.2 多肽组学在体内实验中的应用 6.5 展望 7 蛋白质生物芯片在蛋白质组学中的应用 7.1 引言 7.2 技术概况 7.2.1 蛋白质的固定和表面化学 7.2.2 蛋白质的转印和检测 7.2.3 芯片内含物 7.3 蛋白质芯片的应用 7.4 对药物研究和开发的贡献 8 体外鉴定蛋白质相互作用的研究进展 8.1 引言 8.2 cAMP-依赖性蛋白激酶模型系统 8.3 用SPR生物传感器实时监控相互作用 8.4 药物设计中的ITC 8.5 高通量筛选工具—荧光极化 8.6 Alpha筛选在药物筛选上的应用 8.7 总结 9 完整细胞和组织中的分子网络——生物学和药物开发中的机遇 9.1 引言 9.2 一个关于细胞的比喻 9.3 分子调控网络图: 理论基础 9.4 设想会骑车的机器人 9.5 以分子网络模块标准化为几何目标 9.6 获取功能信息: 展望药物研发第三篇 应用 10 从靶标到先导化合物 10.1 引言 10.2 材料和方法 10.2.1 细胞和培养条件 10.2.2 体外活性检测 10.2.3 亲和色谱 10.2.4 电泳和蛋白质鉴定 10.2.5 BIAcore分析 10.2.6 酰基氰化物的合成 10.3 结果 10.4 讨论 11 药物研究中的差异磷酸化蛋白质组分析法 11.1 引言 11.2 人类血小板的磷酸化蛋白质组学 11.2.1 皮层肌动蛋白 11.2.2 调节性肌球蛋白轻链 11.2.3 蛋白质二硫键异构酶 11.3 鉴定人体血小板中cAMP-和cGMP-依赖性蛋白质激酶的底物 11.4 分析野生型和基因敲除型小鼠的磷酸化蛋白质组差异, 鉴定抗炎治疗的新型治疗靶点 11.5 总结 12 血清学与蛋白质组学技术在肾细胞癌生物标记物开发中的应用 12.1 引言 12.1.1 肾细胞癌 12.2 开发生物标记物的方法 12.3 采用不同蛋白质组学技术鉴定生物标记物的优点 12.4 生物标记物的类型 12.5 肾细胞癌细胞系和活组织切片的蛋白质组分析 12.6 鉴定有差异表达的蛋白质 12.7 总结 13 细胞器蛋白质组学在抗药性研究中的应用 13.1 引言 13.1.1 临床问题及蛋白质组学对策 13.2 实验目的和实验设计 13.2.1 细胞系 13.2.2 细胞器分离 13.2.3 蛋白质组分分离和鉴定 13.2.4 蛋白质丰度的定量比较 13.3 二羟萘二酮耐受型MC 17细胞中膜蛋白质和核蛋白质的变化 14 人体体液的临床神经蛋白质组学: 痴呆早期和鉴别诊断中的脑脊液和血液分析 14.1 引言 14.2 阿尔茨海默症的神经化学标记物 14.2.1 p淀粉样蛋白质前

<<药物研究中的蛋白质组学>>

体 (p_APP) : 代谢和对AD诊断的影响 14.2.2 Tau蛋白质及其磷酸化形式 14.2.3 ApoE的基因型
14.2.4 其他可能的因子 14.2.5 CST参数的综合分析 14.2.6 展望: 寻找生物标记物的新技术—
—质谱 (MS)、二维荧光差异凝胶电泳 (DIGE) 及多路技术 (multiplexing) 14.3 总结 15 蛋白质
组学在阿尔茨海默症中的应用 15.1 引言 15.2 蛋白质组学分析 15.2.1 样品制备 15.2.2 二维
电泳 15.2.3 蛋白质定量 15.2.4 基质辅助激光解吸 / 电离飞行时间质谱 15.3 在AD中发生表达
下调和修饰的蛋白质 15.3.1 突触蛋白 15.3.2 导向蛋白 15.3.3 信号传导蛋白质 15.3.4 氧化
蛋白 15.3.5 热激蛋白 15.3.6 在淀粉样斑中富集的蛋白质 15.4 不足之处 16 心脏蛋白质组学
16.1 心脏蛋白质组学 16.1.1 心脏2-D蛋白质数据库 16.1.2 扩张型心肌病 16.1.3 心脏病的
动物模型 16.1.4 心脏亚蛋白质组学 16.1.5 人工培养心肌细胞的蛋白质组学 16.1.6 心脏疾病
和移植后心脏抗原的蛋白质组学特性 16.1.7 急性移植排斥反应的标记物 16.2 血管蛋白质组
16.2.1 血管的蛋白质组学 16.2.2 血管细胞的蛋白质组学 16.2.3 激光捕获显微分离 (LCM)
16.3 总结第四篇 市场 17 创新过程 17.1 引言 17.2 创新过程评价标准 17.3 计划 17.4 市
场吸引力 17.5 市场竞争地位 17.6 技术竞争地位 17.7 加强契合性 17.8 收益 17.9 风险
17.10 创新过程各个阶段的应交付成1 17.11 筛选式过程 17.11.1 确立评估项目 (EvP) 17.11.2
晋升为探索性项目 (EP) 17.11.3 发展为进展型项目 (PP) 17.11.4 进入入市准备阶段 17.12
总结索引图版

<<药物研究中的蛋白质组学>>

章节摘录

2 蛋白质组数据的标准化、存储和交换： 摘要： 人类基因组序列的测定为人们提供了一个方向标，从这个方向标中我们得以找到那些在疾病的发生与发展过程中起着重要作用的蛋白质，如潜在药物靶点。

最近，科学界将视角转向了蛋白质组学，所谓蛋白质组就是指特定细胞在任意时刻的蛋白质表达情况。蛋白质组数据的产生变得越来越高通量化，而用于产生并分析这些数据的实验设计和技术也变得更加复杂。

这一领域中的科研人员必须借助于工具的帮助才能使他们顺利辨认蛋白质序列的功能。

与此同时，研究者已经开始认识到需要以一种有效的方式来准确地描述、存储和交换实验数据，并将其与公共数据资源相连接。

人类蛋白质组研究组织的蛋白质组学标准化预案专门为此设立了开发这一标准的基金会，帮助研究者实现标准化的实验描述及数据交换。

这些标准一旦建立，就会开设公共数据库，研究者可以在论文正式发表前就将实验数据存放于此。

研究者可以从这些数据中获得参考数据，例如，下载健康组织的数据，通过将其与不同疾病组织数据的比较，确定疾病发生与发展的临床标记。

2.1 引言： 当科学家们首次将人类蛋白质组‘图谱提到正式议事日程上时（Clark，1981），他们只针对建立那些在细胞和组织中相对大量表达的蛋白质库的技术能力进行了讨论。

这些蛋白质库中的很多蛋白质都是以前未知的新蛋白质，研究者对这些新蛋白质的功能、表达及其在细胞内的代谢尚一无所知。

在随后的20多年时间里，研究者们成功地获得了许多模式生物的基因组全长序列，这些数据及其相应注释已经成为公共资源。

很多蛋白质序列分析工具为研究者提供了揭示新序列功能的有效途径，InterPro（Mittler et al., 2005）就是一个很好的例子。

蛋白质分离技术的进步使研究者可以检测出只在一定时期短暂且低量表达的蛋白质，除此以外，由胞内或胞外环境作用产生的蛋白质间相互作用及蛋白质在代谢过程中相关的变化信息也可以因此而得以检测。

高通量技术使研究者能够对组织及组织状态进行探究，绘制出更为精细的动态蛋白质合成及降解图，以及在此过程中的亚细胞定位变化和翻译后修饰（posttranslational modification, PTM）。

<<药物研究中的蛋白质组学>>

编辑推荐

《药物研究中的蛋白质组学》可供生物化学、分子生物学、蛋白质组学、免疫学、功能基因组学等生命科学相关领域的研究院所、高校教师、研究生和科研人员参考使用。

<<药物研究中的蛋白质组学>>

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>