

<<感染微生态学>>

图书基本信息

书名：<<感染微生态学>>

13位ISBN编号：9787117164450

10位ISBN编号：711716445X

出版时间：2012-10

出版单位：人民卫生出版社

作者：李兰娟 编

页数：765

字数：1552000

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>

<<感染微生物生态学>>

前言

第1版《感染微生物生态学》于2002年出版, 经过10年的基础研究及临床实践, 微生物学尤其是感染微生物生态学在世界范围内得到了极大的发展, 其结果更进一步印证了感染微生物生态学理论的创新性和临床实践价值。

这一切得益于分子生物学、宏基因组学、代谢组学、蛋白质组学等理论方法的发展, 也是现存感染病学理论与实践不足之处的现实需求。

人类文明的进步、医药科技事业的发展, 感染的宿主及宿主的感染病谱发生了重大的变化。老龄化是当前世界范围内的现象, 老年人的特点是免疫功能相对低下, 常伴有一种或以上的基础疾病, 诸如高血压病、糖尿病、慢性肾病等。

同时, 抗生素、免疫抑制剂、放化疗、器官移植、介入治疗等各种医疗手段的广泛应用, 使得各种危重病人的生命得以延长。

耐药菌株尤其是多重耐药菌株的快速形成、流行, 在健康人不致病的人体正常菌群成员, 却在此类人群中引起了严重的难以控制的甚至是致命的感染。

新抗生素研发不但远远不能满足临床的需要, 而且实践证明, 一味地应用抗生素并不能解决这一问题。

显然, 感染病的防治已成为新世纪的重大课题, 亟需新的理论加以指导、研究, 而感染微生物生态学理论与方法在预防控制感染方面已初露端倪。

微生物学萌芽于19世纪末, 20世纪70年代以来, 悉生生物学、厌氧培养技术、电镜技术、细胞分子生物学促进了微生物生态学的发展。

近10年来, 人体微生物学研究得到了国内外的广泛重视, 成为研究的热点。

国内外的研究表明, 微生物生态系统是人体的一个具有生理功能的“器官”, 这是因为, 微生物菌群在人体免疫、代谢、营养等方面有重要的作用, 尤其在感染的预防与感染的发生上有重要的作用。

早在2002年, 我们就出版了《感染微生物生态学》, 提出感染微生物生态学理论, 2006年美国学者Steven Gill提出破坏人体微生物生态就是破坏人体健康。

我们提出的感染微生物生态学理论得到了有“代谢组学之父”之称的英国帝国理工大学Nicholson教授的高度赞誉。

<<感染微生态学>>

内容概要

《感染微生态学(第2版)》的主编是李兰娟

《感染微生态学(第2版)》分四篇共42章。

第一篇第1~15章,系总论部分。

介绍感染微生态学观念的由来及其历史发展背景,详细讲述正常微生物的组成、生理功能;正常微生物学宿主转移、定位转移与感染的关系;正常微生物群变异及微生态失衡与感染尤其是医院内感染的关系;逐一剖析临床抗菌药物、抗病毒药物、免疫抑制剂等对微生态的影响。

第二篇系各论部分,包括第16~30章,根据现有资料,讲解各系统感染微生态学特征及预防处理方法。

第三篇包括第31~35章,详细介绍微生态调节剂的种类、功能及其发展趋势。

第四篇包括第36~42章介绍感染微生态学的研究方法及无菌、悉生动物的培育与应用。

<<感染微生物生态学>>

作者简介

中国工程院院士，浙江大学医学院附属第一医院教授，博士生导师，主任医师，传染病诊治国家重点实验室主任，国家内科学(传染病)重点学科学术带头人，浙江省科协主席。

兼任中华医学会副会长，中华医学会感染病学分会主任委员，肝衰竭与人工肝学组组长，中华预防医学会微生态专业委员会副主任委员，中国医师协会感染病专科医师分会会长，全国人工肝培训基地主任，国际血液净化学会理事，

《中华临床感染病杂志》《中国微生态学杂志》《浙江医学》主编及《中华传染病杂志》《国际流行病学传染病学杂志》副主编。

从事传染病临床、科研和教学工作30余年。

主要研究方向：传染病诊治；肝衰竭与人工肝脏；感染微生态研究。

创建了独特有效的人工肝支持系统(ALSS)，在治疗重型肝炎方面获得了重大突破，开辟了重型肝炎治疗的新途径，建立了我国第一株永生化人源性肝细胞系——HepLL，创建了分离肝细胞的新方法，完成了新型生物型及混合型人工肝的构建，研究成果1998年获国家科技进步二等奖。

主持制定了《人工肝治疗指南》《肝功能衰竭诊疗指南》，编著了我国该领域的首部专著《人工肝脏》，引领我国人工肝研究发展的方向。

创立了感染微生态学新理论，首次揭示微生态失衡在肝衰竭发生发展中的作用机制；发现细菌耐药新基因；提出了感染微生态防治新策略；主编了我国首部《感染微生态学》专著，研究成果2007年获国家科技进步二等奖。

近年来在“Journal Hepatology”“Journal of Clinical

Virology”等国内外杂志发表论文200余篇，其中SCI收录30余篇；承担了国家“863”“973”“十五”攻关、国家自然科学基金重点项目10余项；主编专著《传染性非典型肺炎》《手足口病》《传染病学》等16部，其中，《传染病学》被评为国家级精品课程。

<<感染微生物生态学>>

书籍目录

第一篇 总 论

第一章 感染微生物生态学李兰娟

第一节 感染微生物生态学的概念

第二节 感染微生物生态学的发展史

第三节 感染微生物生态学的学科特性

第四节 感染的分类

第五节 感染的微生物生态学特性

第六节 感染的微生物生态机制

第七节 感染的微生物生态学防治

.....

第二篇 感染微生物生态学各论

第三篇 微生物生态调节剂

第四篇 感染微生物生态学的研究方法

附录一 伯杰氏细菌系统分类学手册

附录二 微生物生态活菌制品总论(摘自2010年版《中国药典》)

<<感染微生物生态学>>

章节摘录

版权页：插图：所以，以微生物生态学的观点看，世界上没有真正的对任何宿主都致病的微生物。从微生物生态学出发，感染是微生物与其宿主相互利用、相互制约的对立统一体的一种表现。不仅如此，微生物与宿主这一对立统一体，还要在外环境的影响下，矛盾的双方各自向其相反的方向转化，即或微生物死亡，或宿主死亡，抑或两者处于对峙状态。

根据上述分析，可以提出这样的假说：地球上没有真正的致病性微生物，现有的致病性微生物都是正常微生物群在宿主转换过程中的一种微生物生态学现象。

当代确定病原体的一个重要标志是寻找敏感动物宿主，流感病毒找到了雪貂和鸡胚，其新分离的病原体也找到了相应的敏感宿主。

如果找不到就很难确定是否是病原体，这是不科学的，因为本来宿主转换就会致病，即使现在已确定为正常微生物成员也会找到敏感动物宿主的。

现实的问题是毋庸置疑的。

纵观人类历史上，几乎所有的大规模传染病都是由动物传染的，如天花、疟疾、鼠疫、麻疹、霍乱、伤寒、肺结核、流感、黄热病、埃博拉病毒、疯牛病、尼巴病毒等。

天花、鼠疫、霍乱等烈性病原体，千真万确是致病性微生物，但是它们的来源是什么？是否存在什么特异性动物宿主为其正常微生物群，都是值得探讨的问题。

前些年，美、英、法、加拿大、日本、澳大利亚等国流行一种成人轮状病毒（ADRV）腹泻，我国湘、陕、川、浙、粤、皖、鲁、北京等地1957年前后也有流行。

1982年以来，辽、吉、黑发生流行，波及全国。

该病毒虽在全世界范围内可以引起儿童严重腹泻，但是在人群中普遍隐性感染，健康带病毒率很高，但在家鼠与猪的抗体水平比人更高。

感染是普遍的，发病是偶然的。

2003年中期在东南亚开始的高致病性H5N1禽流感暴发是自1978年首次报道以来传播速度最快、地理范围最广的。

自2003年以来，非洲、亚洲、欧洲和中东的34个国家已报道野禽和（或）家禽感染病例。

在很长的一段时间内，这种疾病的传染范围只是局限在家禽中，然而近年来情况却悄悄地发生变化，禽流感的传播已经开始侵袭人类社会。

1978年首次出现禽流感病毒（H5N1）直接感染人的报道，截至2007年6月25日世界卫生组织统计报道，全球人禽流感病例数已达315例，死亡191例。

高致病性禽流感病毒H5N1可以引起极高致死率，但是目前还未获得人传人的能力。

对这些病毒怎么看，是致病微生物，还是某一特异性宿主的正常微生物群的成员？值得探讨。

第二节转换方向 从进化的观点看，微生物从两个方向进行宿主转换，一个是从外环境向正常微生物宿主转换，另一个是从正常微生物向外环境转换。

前者是主要的，经常发生的，后者是次要的，偶然发生的。

人类的正常微生物群的组成中，除了自身的、特异的正常微生物群外，还包含着部分由动物或植物正常微生物群转换来的，并且与人类宿主取得微生态平衡状态的成员，反之也有可能，只是偶尔发生而已。

例如在人类肠道内经常可以分离出的禽类正常菌群成员弯曲菌（Campylobacter），啮齿动物正常菌耶尔森菌（Yersinia）。

由于食物链的关系，外环境微生物转移到植物，植物转移到草食动物，草食动物转移到肉食动物，或者通过节肢动物，在植物与动物之间，在不同种属动物之间，都存在着正常微生物群转换宿主现象。

<<感染微生态学>>

编辑推荐

《感染微生态学(第2版)》具有较强的权威性、实用性和参考价值。通过阅读《感染微生态学(第2版)》，可以更好地了解当前基础医学科学发展动向，指导临床医学实践，有助于对感染病学领域有一个较为深入系统的了解，并对广大临床医生、科研工作者和医学院校学生的有关工作、研究和学习起到重要参考作用。

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>