第一图书网, tushu007.com

<<基因表达分析手册>>

图书基本信息

书名：<<基因表达分析手册>>

13位ISBN编号：9787502566302

10位ISBN编号：7502566309

出版时间：2008-10

出版时间：化学工业出版社

作者：(德) S. 洛克沃斯基 著

页数：639

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

前言

在20世纪，从发现DNA作为遗传物质的基本形式、揭示基因的化学和结构本质、建立遗传中心法则到完成人类基因组测序，人类在探索生命奥秘的领域中取得了瞩目的成绩。
尽管应用于绝大多数生命形式的中心法则表明，遗传信息是从DNA到信使RNA（mRNA），再到蛋白质，但是对具有30亿密码的人类基因组的全部测序，并没有阐明数以万计基因的单向信息流是如何精确编程的。
如果把人类基因组一维线性遗传密码的完全破译比作人类登上月球，那么在四维的生物学背景下以基因表达的形式解释遗传指令，例如在发育和疾病过程中，其复杂性和困难程度将是比人类从月球返回地球更富于挑战性、更令人生畏的任务。
尽管经典遗传学是研究由单基因编码蛋白的功能缺失引起的分子疾病的有效方法，但它在诸如癌症、乙型糖尿病及心脏病等多基因控制的表型研究中却乏善可陈。
事实上，许多基因本身是信号分子，每一个都控制着一系列下游基因的表达。
因此，分析差异基因表达或已故RuthSagei‘提出的RNA遗传学，已经成为研究更为复杂的生物系统的一个最切实可行的策略。
也许这方面最早成功的先例之一是20世纪70年代末期p53肿瘤抑制蛋白的发现，当用DNA肿瘤病毒侵染正常细胞时这种蛋白过量表达。
后来，双向蛋白凝胶电泳的发展绘制了更为完整的胞内蛋白表达图谱。
在20世纪80年代早期出现了一些针对mR-NA表达的研究方法，例如差异筛选和消减杂交在基因鉴定方面比双向蛋白电泳更全面、更灵敏，并且能够提供更多的信息。
MarkDavis和他的同事用这种策略比较T细胞和B细胞mRNA表达的差异时，发现了T细胞受体，这为通过基因表达的分析来发现新基因提供了最完美的例子。
T细胞受体的成功发现为生物医学研究注入了新的活力，以基因表达分析为基础策略可用于各种生物学系统的研究。
20世纪90年代，人们发明了若干新的、更为复杂的分子生物学工具，在mRNA水平上全面分析基因表达。
这些方法，包括差异显示（DD）、基因表达的系列分析（SAGE）和DNA微阵列，已经应用于基因表达分析的大量研究中。
在Medline中，DD、SAGE和DNA微阵列的点击数已超过60001其后，这些技术的各种改进，以及集中于体内和体外各种水平的基因表达分析的新方法最近已经有报道。

内容概要

本书代表了全世界200多位基因表达分析领域研究者的集体成就，全面阐述了几乎每一种分析基因表达的技术和方法，不仅包括转录、转录后、翻译和翻译后水平基因表达的基本背景知识，还包括每种方法的实验程序以及均衡的、无偏的处理，并尽可能多地囊括了当前可以利用的网络资源，真可谓现代生物学中这一领域的百科全书。

本书内容包括基因表达的基础理论、样品制备方法、mRNA的高通量表达方法、蛋白质的表达分析、mRNA和蛋白质的原位及体内分析等，并对生物信息工具和计算机分析方法做了重点介绍。

可供从事基因表达分析工作的科研人员和技术人员参考使用，并可作为高等院校相关专业教师和研究生的教学参考用书。

书籍目录

上卷　第1章 基因表达的基本概念　1.1 引言　1.2 细胞内的转录与翻译　1.2.1 概述　1.2.2 转录　1.2.3 翻译　1.2.4 小结　1.3 转录调控　1.3.1 概述　1.3.2 mRNA表达谱——转录组（transcriptome）　1.3.3 蛋白质表达谱——蛋白质组（proteome）　1.3.4 基因和蛋白质的相互作用——互作组（interactome）　1.3.5 转录装置与核心启动子　1.3.6 调节启动子　1.3.7 增强子　1.3.8 基因座控制区　1.3.9 基质附着区　1.3.10 隔绝子　1.3.11 RIDGE曾强的基因表达区　1.3.12 增强子体　1.3.13 染色质　1.3.14 沉默子元件　1.3.15 转录因子、阻遏因子和辅助阻遏因子　1.3.16 表观遗传学　1.3.17 概括和总结　1.4 转录后调控　1.4.1 概述　1.4.2 RNA稳定性和降解的调控　1.4.3 转录延伸的调控　1.4.4 前体mRNA的差别/可变剪接　1.4.5 反式RNA剪接　1.4.6 mRNA转运的调控　1.4.7 定向的细胞 mRNA定位　1.4.8 mRNA聚腺苷酸化的调控　1.4.9 反式RNA　1.4.10 RNA编辑　1.4.11 小结　1.5 蛋白质的翻译后修饰　1.5.1 概述　1.5.2 蛋白质的酶促剪切　1.5.3 乙酰化　1.5.4 （聚）异戊二烯基化　1.5.5 甲基化　1.5.6 硫酸化　1.5.7 磷酸化　1.5.8 泛素化　1.5.9 糖基化　1.5.10 小结　1.6 mRNA与蛋白质表达的相关性　1.6.1 概述　1.6.2 mRNA水平和蛋白质的表达：相关性和差异性　1.6.3 小结　1.7 持家基因及内部和外部的标准　1.7.1 什么是持家基因　1.7.2 重要持家基因概述　1.7.3 其他常用的持家基因　1.7.4 新确定的维持基因　1.7.5 定量方法　1.7.6 小结　1.8 不同基因表达技术的分类　1.8.1 概述　1.8.2 从单个基因到转录组　1.8.3 分类的方法　1.8.4 小结　1.9 总结　1.10 参考文献　第2章 样品制备与辅助工具　2.1 引言　2.2 细胞和组织的制备　2.2.1 免疫法纯化细胞　2.2.2 差速离心/反向洗脱　2.2.3 表面亲和层析　2.2.4 密度梯度离心　2.2.5 流式细胞术　2.2.6 组织微分离技术　2.2.7 各种细胞的分离和培养技术　2.3 核酸和蛋白质的制备　2.3.1 概述　2.3.2 总RNA和mRNA的分离　2.3.3 分离前RNA的稳定性　2.3.4 从培养的细胞和组织中制备蛋白质样品　2.4 总结　2.5 参考文献　第3章 mRNA表达的分析方法下卷　第4章 mRNA表达的高通量分析方法　第5章 蛋白质表达分析　第6章 原位和体内的mRNA及蛋白质表达分析方法　第7章 计算方法和生物信息学工具索引

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