

<<基础医学发展现状及前沿发展方>>

图书基本信息

书名：<<基础医学发展现状及前沿发展方向>>

13位ISBN编号：9787030274014

10位ISBN编号：7030274016

出版时间：2010-5

出版时间：科学出版社

作者：程书钧，方福德 主编

页数：189

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>

<<基础医学发展现状及前沿发展方>>

前言

基础医学是人类认识自身科学实践过程的重要学科之一，主要研究人体的结构、功能、遗传、发育和免疫以及病理过程等，着力探究疾病的发生原因、发病机理以及药物作用机理，寻求有效诊断治疗的方法。

基础医学近年来取得了飞跃发展，分子生物学、生物化学和细胞生物学等为解析生命活动的本质作出了不可替代的贡献。

同时，随着新技术和新学科的兴起，基础医学研究变得更为量化、更为系统，形成了以功能基因组学和蛋白组学研究为方向，以多学科交叉为基础，分析与综合并重，微观与宏观相结合研究体系。

基础医学理论和技术方法不断发展，带动了整个医学的全面发展和阔步前进，成为推动医学研究和保障人类健康的重要力量。

从建设创新型国家和开展中国工程科技中长期发展战略研究的需要出发，2008年，中国工程院医药卫生学部确立了“医药学科发展现状及前沿发展方向”咨询项目，从学科的视角系统分析了医药学科发展现状、趋势和需求，并提出了前沿发展方向。

作为咨询项目的重要组成部分，本报告详细分析了国内外基础医学学科发展现状与差距，分析、预测了基础医学学科发展的趋势与需求，评述了我国基础医学学科所面临的挑战与机遇，提出了我国基础医学学科前沿发展方向，以促进我国基础医学的可持续发展。

<<基础医学发展现状及前沿发展方>>

内容概要

本书是中国工程院医药卫生学部“医药学科发展现状及前沿发展方向”咨询项目的研究成果之一，详细分析了国内外基础医学学科发展现状与差距，分析、预测了基础医学学科发展趋势与需求，评述了我国基础医学学科面临的挑战与机遇，提出了我国基础医学学科前沿发展方向，以促进我国基础医学的可持续发展。

全书展示了20多位院士、专家关于转化医学、免疫学、肿瘤防治等9个方面的研究成果和观点，可作为政府部门、科研机构、大学、企业进行基础医学科研布局决策或开展具体研究工作的重要参考资料，可供国内外专家、学者研究和参考。

<<基础医学发展现状及前沿发展方>>

书籍目录

前言一、肿瘤防治研究路在何方 (一) 肿瘤流行病学趋势 (二) 临床研究治疗进展——个体化治疗 (三) 肿瘤基因组计划进展 (四) 分子网络病 (五) 未来战略方向 主要参考文献二、免疫学发展现状、趋势及前沿展望 (一) 免疫学的重要研究方向与前沿热点 (二) 我国免疫学研究的历史、现状与未来发展方向 主要参考文献三、转化医学的历史使命 (一) 问题的提出 (二) 国内外研究概况 (三) 发展趋势 (四) 我国的发展目标 (五) 我国的战略重点 (六) 建议的行动计划 (七) 政策建议 (八) 致谢 主要参考文献四、生物安全学科发展现状及前沿发展方向 (一) 生物安全现状分析 (二) 国外应对生物安全问题的措施 (三) 国内生物安全现状及需求 (四) 前沿发展方向 主要参考文献五、寄生虫学学科发展现状及前沿发展方向 (一) 背景——关于寄生虫学学科 (二) 国内外寄生虫学研究现状及面临的挑战与机遇 (三) 我国寄生虫学学科发展需求、发展战略及布局 (四) 我国寄生虫学学科前沿发展方向及优先领域 主要参考文献六、医学生物学新技术发展现状及前沿发展方向 (一) 医学生物技术发展现状分析 (二) 国内医学生物技术发展现状 (三) 我国医学生物学新技术发展策略 主要参考文献七、从人类基因组计划到个人基因组时代——医学基因组 学发展展望 (一) HGP及其系列研究工作的启示 (二) 国际千人基因组计划及炎黄计划的重要意义……八、干细胞技术研究与应用发展现状及前沿发展方向 九、发育生物学研究现状及前瞻

<<基础医学发展现状及前沿发展方>>

章节摘录

有科学家认为，人类基因组计划带来的最伟大的变革并不是对基因组本身序列的测定，而是随之发展起来的新技术，如基因芯片和下一代测序技术等。

这些新技术已经给医学基础和临床研究带来了理念上的颠覆性改变。

基于人类基因组单体型图计划（Hap Map）和高密度单核苷酸多态性（single nucleotide polymorphisms, SNP）基因型分型芯片技术，重要疾病与遗传的关联性研究（genome wide association study, GWAS）已在国际上启动多年。

这一计划旨在对人类常见的重要疾病或性状特征与遍布全基因组且在人群中具有较高出现率的遗传标志物SNP的关联性进行分析。

GwAS所针对的常见遗传变异（common genetic variants）是指在人群中出现频率大于5%的SNP。

经过几年的实践，GWAS取得了丰硕的研究成果，总共确认了250多个含有常见SNP并与常见多基因疾病或人类性状存在关联的遗传位点。

尽管如此，随着研究的不断深入，人们逐渐意识到，与预先估计的不同，这些常见SNP在肿瘤、糖尿病等复杂多基因疾病或人类性状中可能仅发挥着微弱的遗传效应，其临床价值十分有限。

例如，Goldstein基于目前所发现的身高相关SNP及其遗传效应建立模型，并据此推断，如果按照现在所知的身高相关SNP对遗传度的贡献计算，假设人类身高80%取决于遗传因素，那么仅控制身高这一个表型就需要动员基因组中的绝大多数基因。

很明显，这不符合生物学规律。

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>