

<<癌症·基础卷(中文翻译版)>>

图书基本信息

书名：<<癌症·基础卷(中文翻译版)>>

13位ISBN编号：9787030336958

10位ISBN编号：703033695X

出版时间：2012-5

出版时间：科学出版社

作者：(美)德维塔 等主编, 李桂源, 向娟娟, 武明花 译

页数：502

字数：739000

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>

<<癌症·基础卷(中文翻译版)>>

内容概要

本书为国际经典著作《癌症》(Cancer: Principles & Practice of Oncology)的基础卷,以前沿的视野介绍了癌症基础研究领域的最新研究成果。

《癌症》(原书第9版)分基础卷和临床卷,由国际上肿瘤学权威专家撰写并多次再版。

在本卷中,除了有经典的肿瘤学研究的基础理论,还加入了包括第二代测序技术、肿瘤代谢、肿瘤干细胞、侵袭转移模型、个体化医疗等新领域的最新发现,同时紧跟临床肿瘤学的发展,基础与临床相结合,重点阐明这些新的研究进展如何实现临床转化,从而影响对癌症患者的诊疗。

本书适宜于肿瘤和分子生物学、细胞生物学专业的高年级本科生,硕士、博士研究生,科研人员和临床医生参考使用。

作者简介

编者：(美国)德维塔(Vincent T.DeVita Jr.) (美国)Teodore S.Lawrence (美国)Steven A.Rosenberg 译者：李桂源 向娟娟 武明花

书籍目录

- 第一部分 癌症的基本原理
- 第一章 癌症基因组
- 第二章 基因组不稳定的机制
- 第三章 癌症的表观遗传学
- 第四章 端粒、端粒酶与癌症
- 第五章 细胞信号、生长因子及其受体
- 第六章 细胞周期
- 第七章 细胞死亡的机制
- 第八章 肿瘤代谢
- 第九章 血管生成
- 第十章 侵袭与转移
- 第十一章 肿瘤干细胞
- 第十二章 个性化癌症医学生物学
- 第十三章 小分子激酶抑制剂的靶向治疗
- 第二部分 各种常见肿瘤的分子生物学
- 第十四章 头颈部肿瘤
- 第十五章 肺癌
- 第十六章 食管癌和胃癌
- 第十七章 胰腺癌
- 第十八章 肝癌
- 第十九章 结直肠癌
- 第二十章 肾癌
- 第二十一章 膀胱癌
- 第二十二章 前列腺癌
- 第二十三章 妇科肿瘤
- 第二十四章 乳腺癌
- 第二十五章 内分泌肿瘤
- 第二十六章 肉瘤
- 第二十七章 皮肤黑色素瘤
- 第二十八章 中枢神经系统肿瘤
- 第二十九章 儿童癌症
- 第三十章 淋巴瘤
- 第三十一章 急性白血病
- 第三十二章 慢性白血病
- 彩图

章节摘录

版权页：插图：第一章 癌症基因组 人们普遍认为癌症本质上是一种遗传病，体细胞基因组分子改变的累积是癌症发展的基础。

在过去的五年中，人类基因组序列的获得以及DNA测序技术的进步，极大地提高了人们对这类疾病的认识。

这些新的见解正从多个层次改变着肿瘤学领域：1.基因组图谱正在重构肿瘤分类学，推动其从基于组织学水平向基于遗传学水平转变。

2.针对在肿瘤发生过程中发生改变的分子而设计的抗癌药物获得成功，证实了体细胞遗传改变是癌症治疗的恰当靶标。

3.肿瘤基因分型正在帮助临床医生寻找针对患者肿瘤的最佳治疗方案，以进行个体化治疗。

4.肿瘤特异性的DNA改变作为高度灵敏的生物标记可用于疾病的检测和监控。

5.对多种癌症基因组进行分析将鉴定更多的靶点，针对这些靶点进行深入的药理学研发无疑会产生新的治疗方法。

它令人信服地展示了像胰腺癌和结肠癌等实体瘤的基因组全貌，这要求积累许多遗传学事件，该过程需要几十年才能完成。

这个时间段为疾病的早期诊断（通常与非常好的预后相关）提供了不可多得的机会。

本章将综述散发性癌症遗传基础方面的进展。

有关家族性癌症的专题详见第十二章。

本章重点介绍新的整合的基因组研究方法，以全面系统地评价肿瘤演进过程中发生的遗传学改变。

利用这些强有力的工具，在未来的十年中，癌症的研究、诊断和治疗将从容转型。

癌症基因及其突变 癌症基因被广义地分为瘤基因和抑瘤基因。

打个经典的比方，瘤基因可被比做是汽车的油门，所以瘤基因产生的突变将导致油门连续被踩下。

抑瘤基因则恰恰相反，起到“刹车”的作用，当没有发生突变的时候它们能抑制肿瘤的生成。

瘤基因和抑瘤基因可以根据它们在肿瘤中的体细胞突变特性来分类。

瘤基因的突变往往发生于特定的突变热点，在不同肿瘤中常影响同一密码子或聚集于相邻的密码子。

此外，瘤基因的突变大多为错义突变，并且突变常常只影响到一个等位基因，导致它们发生杂合改变。

相反，抑瘤基因经常在整个基因都发生突变，大量的突变可导致编码蛋白的截短，并且通常同时影响两个等位基因，导致杂合性缺失。

恶性肿瘤中体细胞突变的主要类型包括碱基替换、小的插入和缺失（indels）、染色体重排和拷贝数变异（将在第二章进一步阐述）。

癌症基因的鉴定 人类基因组计划的完成，标志着生物医学科学一个新时代的到来。

对人类基因组序列和结构的认识，使人们可以系统地分析肿瘤发生和发展过程中的遗传学改变。

在人类基因组被解析前，已通过肿瘤病毒分析、连锁分析、杂合性缺失和细胞遗传学等方法成功地发现了几个癌症基因，如KRAS、TP53和APC。

2004年，人类基因组计划的完成，提供了一张以序列为基础的人类正常基因组图谱，并构建了由单核苷酸多态（single nucleotide polymorphisms, SNPs）构成的HapMap。

HapMap描绘了人类正常基因组的结构变异，使我们能极高通量地对癌症体细胞突变进行分类。

现在，这些计划为鉴定所有的人类肿瘤相关的遗传学改变提供了一个空前的机遇。

这一宏伟的目标第一次出现在科学家们能力所及的范围内。

已有研究表明，以系统鉴定癌症演进相关的体细胞突变为目标的策略是有效的。

值得注意的是，人类基因组计划、HapMap计划，以及下面将要描述的候选法和基于家系的基因克隆方法，都是采用以毛细管电泳为基础的DNA测序技术（第一代测序，又称Sanger测序）。

<<癌症·基础卷(中文翻译版)>>

编辑推荐

《癌症(基础卷)(中文翻译版)》适宜于肿瘤与分子生物学、细胞生物学专业的高年级本科生、硕士、博士研究生, 科研人员和临床医生参考使用。

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>