

<<中国微生物基因组研究>>

图书基本信息

书名：<<中国微生物基因组研究>>

13位ISBN编号：9787030357236

10位ISBN编号：703035723X

出版时间：2012-10

出版时间：科学出版社

作者：喻子牛，邵宗泽，孙明 编

页数：692

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>

<<中国微生物基因组研究>>

内容概要

《中国微生物基因组研究》由我国从事微生物基因组研究的专家们结合自己的研究领域撰写的综述论文组成，反映了我国微生物基因组研究的过去、现在，并指出了未来尚需研究的方向。共分为真细菌基因组（包括人畜病原真细菌，农用真细菌，环境真细菌，冶金、食品真细菌基因组）、古生菌基因组、真核微生物基因组、病毒基因组、微生物基因组研究方法五个部分。

<<中国微生物基因组研究>>

书籍目录

前言喻子牛第一章 真细菌基因组A人畜病原真细菌基因组中国钩端螺旋体基因组学研究进展朱泳璋何平秦金红郭晓奎赵国屏鼠疫耶尔森氏菌基因组学：进化、溯源与致病机制宋亚军周冬生杨瑞馥中国肠道致病菌的基因组学研究王磊中国肠道元基因组与人体健康研究进展赵立平结核分枝杆菌的基因调控网络研究进展李雨庆王毅何正国结核分枝杆菌基因组学和后基因组学研究毕利军葛峰结核分枝杆菌基因组研究进展郑华军王升跃人体呼吸道的菌群研究周与华郭晓奎口腔微生物组研究现状李燕薛晶王人可肖晓蓉朱砾肖丽英周学东猪胸膜肺炎放线杆菌基因组研究进展徐卓菲周锐陈焕春副猪嗜血杆菌基因组研究进展贝为成陈焕春周锐付书林乐敏B农用真细菌基因组联合固氮微生物功能基因组学研究燕永亮张云华林敏根瘤菌的进化：核心基因组与附属基因组田长富陈文新铜绿假单胞菌生物防治菌株M18全基因组及温度依赖性转录组分析许煜泉根瘤菌功能基因组学研究概述李友国王善明彭杰丽马彬广巴斯德芽菌Pasteuriaspp?基因组研究进展朱军贺乐黄惠琴刘敏鲍时翔苏云金芽胞杆菌基因组邱宁彭东海何进孙明喻子牛青枯雷尔氏菌基因组研究刘波唐唯其林营志车建美朱育菁C环境真细菌基因组几株重金属抗性细菌的全基因组序列分析与比较王革娇何敏艳熊金波刘红亮黎航海洋石油降解菌食烷菌基因组研究进展邵宗泽赖其良王万鹏海洋多环芳烃降解菌的组学研究董纯明邵宗泽D冶金、食品及其他真细菌基因组生物冶金微生物基因组学尤晓颜姜成英刘双江乳酸菌基因组学研究进展张文羿孙志宏张和平枯草芽胞杆菌功能基因组，从新视角看老问题邓运孙明球形芽胞杆菌基因组及进化分析胡晓敏袁志明蜡状芽胞杆菌群基因组研究进展朱镛孙明第二章 古生菌基因组海洋古菌基因组研究进展曾湘姜丽晶邵宗泽嗜热菌基因组的基本特征包其郁周娇鹏原核微生物的温度适应机制：组学视角马彬广郝保海胡晓攀王双寅第三章 真核微生物基因组真菌基因组学的研究与发展王成树寡孢节丛孢的基因组和蛋白质组学研究杨金奎季星来张克勤十字花科黑腐病菌基因组分析与病理基因组学何勇强唐纪良木质纤维素降解真菌的基因组学研究进展刘国栋曲音波食用菌基因组学研究进展和展望鲍大鹏谭琦吴林大型真菌基因组研究现状及前景尹亚琳余国军孙慧东方巴贝斯虫基因组序列测定与分析贺兰赵俊龙第四章 病毒基因组猪流感病毒的遗传多样性及分子进化涂加钢金梅林我国水生动物病毒基因组的研究进展吴淑勤王庆曾伟伟刘春付小哲任燕王英英嗜极微生物噬菌体基因组学研究进展魏云林季秀玲中国昆虫病毒基因组结构研究进展胡远扬张珈敏周溪芽胞杆菌属细菌噬菌体基因组研究进展袁益辉高梅影第五章 微生物基因组其他研究及方法学几个重要微生物基因组及其隐性基因簇的研究刘钢牛国清李磊刘波田宇清谭华荣中国放线菌功能基因组研究白林泉基因组尺度代谢网络模型郝彤马红武赵学明海洋微生物元基因组研究方法及其进展李志勇基于代谢组学的抗菌药物靶标发现王忠义张红雨基于比较基因组学的细菌基因组岛识别与功能分析欧竝宇植物病原细菌基因组重新注释及重要功能基因识别高俊祥高娜雷阳徐锡文陈玲玲原核生物的转录组学研究王阶平何进喻子牛.....

<<中国微生物基因组研究>>

章节摘录

中国微生物基因组研究鼠疫耶尔森氏菌基因组学：进化、溯源与致病机制第一章真细菌基因组A人畜病原真细菌基因组中国钩端螺旋体基因组学研究进展中国钩端螺旋体基因组学研究进展。

钩端螺旋体病是由致病性钩端螺旋体引起的常见的威胁人类健康和畜牧业生产的全球性人畜共患病。

分布在世界各地，特别是以水稻种植为主的发展中国家和地区。

人通过直接或间接接触感染动物的尿液而感染。

钩端螺旋体病主要临床表现是高热、头痛、寒战、乏力、淋巴肿大和明显的肌肉疼痛。

重者可并发肺出血、黄疸、脑膜脑炎和肾衰竭等。

自1955年以来此病病例达250多万，死亡2万多人。

已经有77个国家和地区报告有此病存在，每年发病数万例。

我国是世界上钩端螺旋体病的高发地区之一，它也是我国目前法定的乙类传染病之一。

我国许多地区，特别是年降水量多、年平均气温较高的长江中下游地区是钩端螺旋体病发病率最高的地区。

20世纪80年代后，钩端螺旋体病疫情处于相对稳定并呈下降趋势，由于钩端螺旋体病是自然疫源性疾

病，动物宿主达200余种，存在潜在危险性。

钩端螺旋体病疫区常出现暴发。

洪水等自然灾害会促发该病的暴发流行，是历史上一些大水之后“大疫”的主要疫病之一。

例如，1998年我国特大洪灾过后在洞庭湖区就暴发过钩体病流行。

近年来，该病的发生有所上升，甚至包括一些发达国家。

引起了世界各国科学家的重视。

世界卫生组织（WHO）、联合国粮食及农业组织（FAO）在美国、澳大利亚和法国等国家建立了8个钩端螺旋体病合作中心，并在包括中国在内的多个国家建立了11个参考实验室。

由于钩端螺旋体一直都缺乏有效的体内定向遗传操作技术，钩端螺旋体主要的致病因子也都没有明确，因此钩端螺旋体的致病机制一直没有阐明。

至今无简便的诊断手段和高效安全的疫苗，钩端螺旋体病依然是一种危害严重、威胁人类健康和畜牧业生产的传染病。

钩端螺旋体基因组测序和功能注释后使困扰这一研究领域的问题得到了新的解决的方法和思路，钩端螺旋体的发病机制和疫苗研发等核心问题将会在后基因组时代，尤其是强大的功能基因组学的支撑下得到突破。

2003年国家人类基因组南方研究中心、中国科学院上海生命科学院和上海交通大学医学院（原上海第二医科大学）等多家单位首次在国际上完成了对问号钩端螺旋体黄疸出血群有毒株赖型赖株基因组测序研究工作。

问号钩端螺旋体赖型赖株有大、小两个染色体，共含有4727个基因。

这些基因涉及钩端螺旋体生理代谢和代谢调节、物质运输、遗传、潜在的毒力或致病因子等。

此项工作的完成，使我们第一次对钩端螺旋体基因组结构有了全面系统地了解。

基因注释全面验证了以往对该菌的代谢生理和相关基因的研究结果，并注释了一批可能与致病及毒力相关的基因。

为阐明钩端螺旋体的致病机制提供了必不可少的前提和基础。

此后，在世界范围内各主要实验室均相继开展了对其他钩端螺旋体的测序以及功能基因组研究：巴西科学家紧随我国科学家，完成了第二株致病性钩端螺旋体黄疸出血群哥本哈根株的全基因组测序；澳大利亚科学家也完成了两株致病性钩端螺旋体的全基因组测序；法国科学家已经完成两株非致病性腐生型钩端螺旋体的全基因组测序[4]。

截至目前，共有6株钩端螺旋体完成了基因组的工作，此领域的研究已经进入了一个全新的后基因组时代，对钩端螺旋体的基因组学研究进入了一个飞速发展的时期，我国与国际上几个优秀的钩端螺旋体实验室（包括法国巴斯德研究所、巴西圣保罗大学、澳大利亚莫纳什大学等）之间的竞争日趋激烈

<<中国微生物基因组研究>>

本文就近年来中国钩端螺旋体基因组学研究作一系统性论述。

1 基因组测序和比较基因组学研究。

钩端螺旋体共有25个血清群，其中黄疸出血群是中国最主要的钩端螺旋体流行菌群之一。

20世纪60年代，我国科学家从一位四川赖姓钩体病患者血清中首次分离鉴定得到了致病性黄疸出血群赖型赖株。

赖型赖株感染动物后能导致明显的钩端螺旋体病症状，如典型的大面积肺出血、黄疸和肝脾肿大等。

2003年国家人类基因组南方研究中心、中国科学院上海生命科学院和上海交通大学医学院（原上海第二医科大学）等多家单位在国际上首次完成了致病性黄疸出血群赖型赖株的全基因组序列。

钩端螺旋体基因组由大小两个染色体组成，分别为4.27Mb和350kb，共含有4727个基因，其中4360个基因位于大染色体、367个基因位于小染色体。

基因注释全面验证了以往对该菌的代谢生理和相关基因的研究成果，鉴定了一些与钩端螺旋体生长发育、代谢、调控及信号转导等重要生命活动有关的基因，尤其发现了一系列钩端螺旋体特有的代谢途径。

验证其唯一利用脂肪酸好氧呼吸的基本能量代谢途径以及其不利用糖类物质并依赖维生素B12的代谢特点。

完成了对该菌的类似于真核生物的甲硫氨酸生物合成途径基因的全面鉴定。

另外还注释了一批可能与侵袭、黏附、运动、趋化、毒性等致病因素相关的基因，尤其是若干个潜在的可能与破坏上皮细胞、干扰凝血平衡系统有关的基因，包括LPS中一系列脂质A合成和核心多糖及抗原生物合成关键基因、数十个黏附相关基因、50个左右鞭毛抗原相关基因、包括12个趋化因子受体在内的30个运动趋化相关基因、11个溶血素基因和1个潜在出凝血基因等。

通过在基因组水平上与已完成测序的多种微生物进行分子进化的研究，特别是与螺旋体科的梅毒螺旋体和伯氏疏螺旋体比较，揭示钩体基因组所编码的蛋白质具有更高比例具有真核蛋白质的结构特征。

与其他能够培养的细菌相比，钩端螺旋体基因组所编码的蛋白质具有更高比例具有真核蛋白质的结构特征，初步提示基因的水平转移可能是钩端螺旋体获得致病性的原因。

钩端螺旋体全基因组序列的完成进一步证实了钩端螺旋体在进化上是一个比较特殊、古老的微生物，而且使我们对钩端螺旋体病的致病机制有了崭新的认识。

因为缺乏钩端螺旋体遗传操作技术，目前对钩端螺旋体毒力进化以及致病机制的研究一直都没有突破。

问号钩端螺旋体赖型IPAV株是由中国国内分离到的、具有高毒力的菌株通过长时间实验室传代而获得的减毒株。

血清学交叉凝集试验已经证实IPAV株和赖型赖株同属于钩端螺旋体黄疸出血群，但是感染动物不会产生钩体病症状，这可能是IPAV株在体外培养传代过程中逐渐丧失了毒力。

钩端螺旋体黄疸出血群有毒株赖型赖株和减毒株IPAV，比较基因组学是研究钩端螺旋体尤其是黄疸出血群毒力进化机制的最直接最有效的手段。

在以前已经完成的钩端螺旋体黄疸出血群有毒株赖型赖株基因组序列的基础上，Zhong等采用新一代的454焦磷酸高通量测序方法，对减毒株IPAV进行全基因组测序，并将蛋白质组MS/MS数据整合用于对IPAV的注释和菌株56601的重新注释。

通过其与致病性的问号钩端螺旋体赖型赖株进行全基因组比较发现，除了高度相似的基因组结构以及基因顺序外，一共检测到有33个插入、53个缺失和301个单核苷酸变异（SNV）分布在101个基因的5'上游区域或在编码区域，然而只有9个（27.3%）插入是超过1bp的变异、33个（62.3%）缺失是超过1bp的变异。

此外，有301个SNV和3个长序列多态性（LSP）在CDS或间隔区中被鉴定出。

在这些变异中，共有101个基因，包括44个有功能的基因、29个假定的基因和28个转座酶，对编码区或者5'上游区域有影响。

对这44个有功能的基因与哥本哈根进行对应位置的比较发现，18个基因变异是“56601特异性的变异”，因为这些基因在IPAV与哥本哈根一致。

<<中国微生物基因组研究>>

剩余的26个变异被称为“IPAV特异性的变异”，直接影响这些基因的组成和功能。

其中，44个有功能基因中大部分是和信号转导、压力反应、跨膜运输和氮代谢相关。

基于定量LCMS/MS数据的比较蛋白质组分析显示，在1627对直系同源蛋白中，有174个基因在IPAV中是上调的，主要集中在能量产生和脂质代谢相关类。

此外，有228个基因在56601株中是上调的，大部分集中在蛋白质翻译以及DNA复制和修复相关基因。

基因组和蛋白质组的一致性充分说明，在56601株或IPAV株中一些重要基因的特异性突变导致的表达量下调（如Ser/Thr激酶、碳饥饿蛋白CstA、谷氨酰胺合成酶、GTP?binding蛋白BipA、二磷酸核糖核苷酸还原酶和磷酸转运蛋白）以及脂蛋白和外膜蛋白可变的翻译形式很可能是造成IPAV毒力减弱的重要原因。

因此，在一定数量基因中的有限数目的基因变异（包括插入、缺失和SNV）可能是造成IPAV毒力减弱的原因。

.....

<<中国微生物基因组研究>>

编辑推荐

《中国微生物基因组研究》内容属微生物学科前沿领域，可供从事医学、农业、工业、环境、生态、动物医学、植物病原微生物研究的研究人员、教师和研究生参考。

<<中国微生物基因组研究>>

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>