

“十一五”国家重点图书

蛋 | 白 | 质 | 科 | 学 | 与 | 技 | 术 | 丛 | 书

「蛋白质 微阵列」

Protein Microarrays

[加拿大] M. 谢纳 (Mark Schena) 编

童明庆 王台虎 主译



化学工业出版社
生物·医药出版分社

“十一五”国家重点图书

蛋 | 白 | 质 | 科 | 学 | 与 | 技 | 术 | 丛 | 书

「蛋白质 微阵列」

Protein Microarrays

[加拿大] M. 谢纳 (Mark Schena) 编

童明庆 王台虎 主译



化学工业出版社
生物·医药出版分社

· 北京 ·

图书在版编目 (CIP) 数据

蛋白质微阵列/ [加] 谢纳 (Schna, M.) 编; 童明庆, 王台虎主译. —北京: 化学工业出版社, 2007. 8

(蛋白质科学与技术丛书)

书名原文: Protein Microarrays

ISBN 978-7-122-00862-6

I. 蛋… II. ①谢…②童…③王… III. 蛋白质-研究
IV. Q51

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2007) 第 116201 号

Protein Microarrays, by Mark Schna

ISBN 0-7637-3127-7

Copyright © 2005 by Jones and Bartlett Publishers, Inc. All rights reserved. Authorized translation from the English language edition published by Jones and Bartlett Publishers, Inc.

本书中文简体字版由 Jones and Bartlett Publishers, Inc. 授权化学工业出版社独家出版发行。

未经许可, 不得以任何方式复制或抄袭本书的任何部分, 违者必究。

北京市版权局著作权合同登记号: 01-2004-6105

责任编辑: 郎红旗 傅四周 周旭
责任校对: 周梦华

文字编辑: 张春娥
装帧设计: 关飞

出版发行: 化学工业出版社 生物·医药出版分社
(北京市东城区青年湖南街 13 号 邮政编码 100011)

印刷: 北京市振南印刷有限责任公司

装订: 三河市宇新装订厂

787mm×1000mm 1/16 印张 31 彩插 6 字数 562 千字 2008 年 4 月北京第 1 版第 1 次印刷

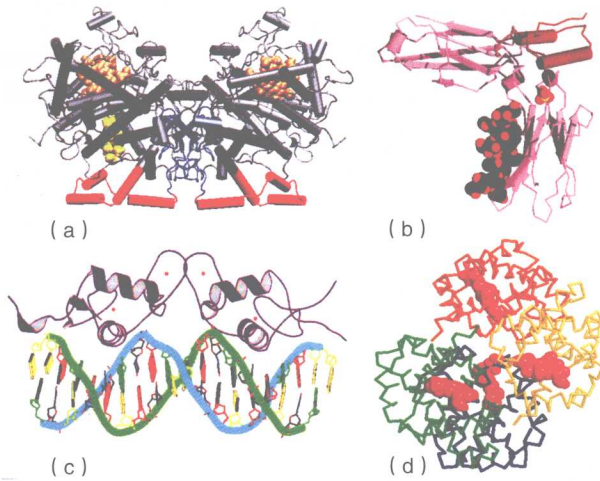
购书咨询: 010-64518888 (传真: 010-64519686) 售后服务: 010-64518899

网 址: <http://www.cip.com.cn>

凡购买本书, 如有缺损质量问题, 本社销售中心负责调换。

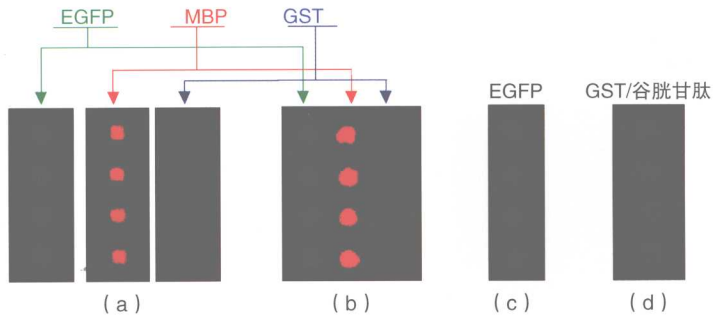
定 价: 55.00 元

版权所有 违者必究



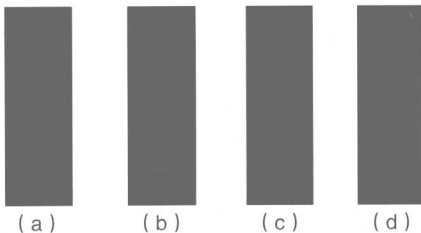
彩图1.5 蛋白质三级、四级结构结晶

(a) 前列腺素H₂合成酶-1同源二聚体，一个花生四烯酸（黄色）位于其结合位点。图片由美国伊利诺伊大学香槟分校理论与计算生物物理学小组贝克曼先进科学技术研究所惠赠（Beckman Institute for Advanced Science and Technology Theoretical and Computational Biophysics Group, University of Illinois at Urbana-Champaign.）。(b) 人免疫球蛋白Fc段结合于蛋白质A片段。图片由伦敦大学结构与模型小组、生物分子结构与模型小组及生物化学与分子生物学系（英国伦敦）惠赠。(c) 鼠糖皮质激素受体DNA结合区二聚体与DNA结合。图片数据来自蛋白质数据库（PDB），由路易斯（Luisi）等^[57]提交。(d) 含4个亚铁血红素（红色）的人脱氧血红蛋白，来自费米（Fermi）等^[58]的晶体结构图。



彩图2.3 生物素化蛋白在亲和素化玻片上的位点特异性固定

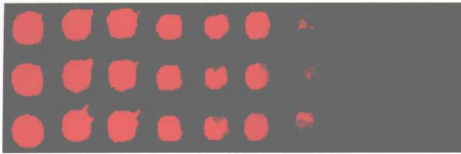
(a) Cy3-anti-EGFP（绿色荧光），Cy5-anti-MBP（红色荧光），FITC-anti-GST（蓝色荧光）；(b) 混合检测；(c) EGFP本底荧光；(d) GST和Cy3-标记的谷胱甘肽间的结合。



彩图2.4

生物化GST结合在亲和素化玻片上后，再以不同条件洗涤处理

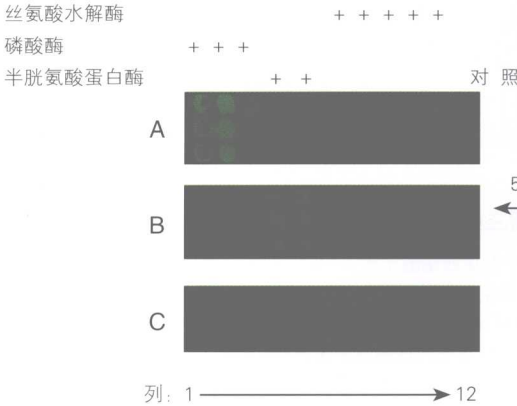
(a) 1mol/L乙酸（pH3.3）处理30min；(b) 60℃水处理30min；(c) 4mol/L盐酸胍处理30min；(d) 无处理对照。



彩图2.8

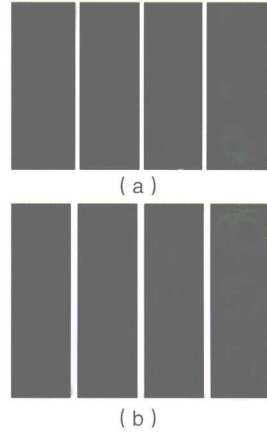
浓度由1mg/mL到0.001mg/mL时，EGFP（增强型绿色荧光蛋白质）检测的结果

玻片经PEG-硫酯化处理，检测探针为Cy5标记的抗EGFP抗体。



彩图2.10 12种商品酶的活性检测结果

探针为：(A) 探针1，PT-Cy3；(B) 探针2，VS-Cy3；(C) 探针3，FP-Cy3。12列蛋白质斑点依次为实验10中的12种酶。



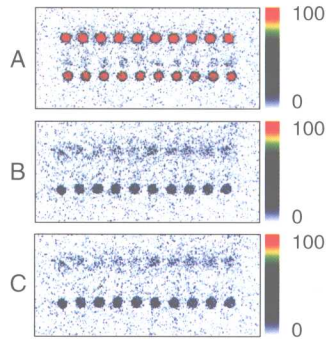
彩图2.11 用微阵列作酶抑制分析：胰蛋白酶抑制剂（TI）的浓度增加时荧光强度的变化

(a) β -胰凝乳蛋白酶；(b) γ -胰凝乳蛋白酶，用FP-Cy3显色；(c) 每种浓度三个重复点，计算平均值绘制TI浓度曲线。



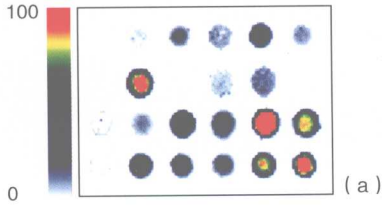
彩图2.14 6h反应后微阵列上的荧光图谱

(A) 玫瑰色红球菌环氧水解酶；(B) 电鳗乙酰胆碱酯酶；(C) 小牛胰腺胰蛋白酶；(D) 小牛肠黏膜碱性磷酸酶。每张玻片用一组荧光前体底物进行包裹。对照，7-羟基-4-羧甲基香豆素；(1) 化合物1；(2) 化合物2；(3a) 化合物3'a；(3b) 化合物3'b；(4) 化合物4'；各化合物结构见图2.13。



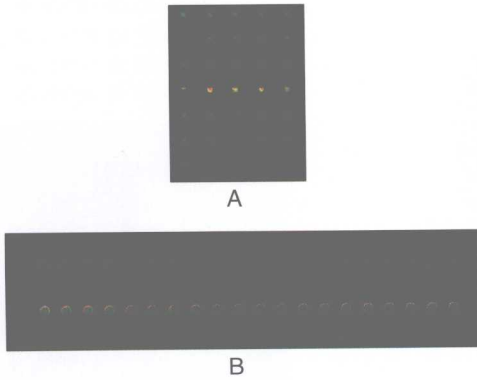
彩图3.4 蛋白质在聚丙烯酰胺凝胶垫的固定（Hydrogel™ 基质）依赖于微阵列点样之前的蛋白质大小和凝胶的处理

Cy5-白蛋白（每个平板的上排）和Cy5-IgG（每个平板的下排）使用 300pL点容量进行点样；Hydrogel以如下方法进行预处理：(A) 未经预处理，(B) 2%的TFA和(C) 50%戊二醛处理；所有的基片在扫描之前用1×TBA冲洗30min；不同颜色代表不同的信号强度。



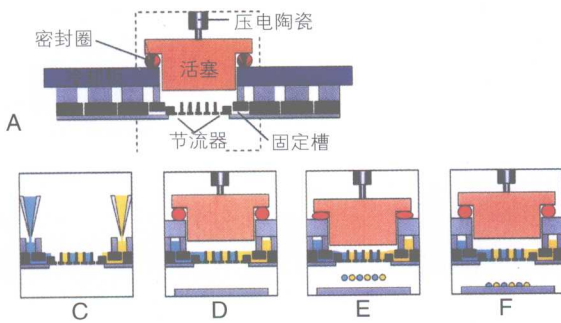
彩图3.5 点样在Hydrogel™ 基片上的抗体微阵列并以10μm分辨率扫描

(a) 扫描微阵列图像以不同颜色呈现，每个点的强度以荧光信号比例来表示。



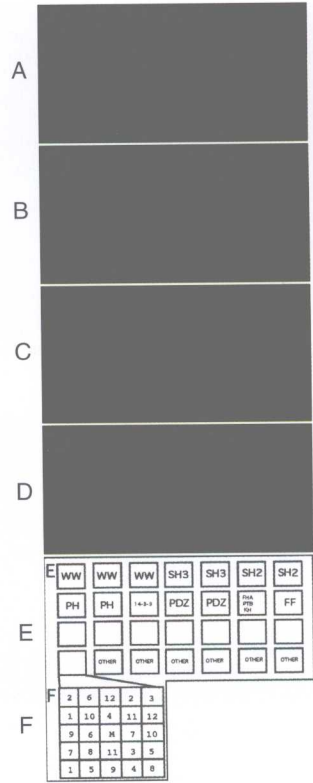
彩图10.1 用两种方式在覆膜玻片上制备的蛋白质微阵列

(A) 用微点样针点样，样本载入针内并在预处理过的的基片上打印点样出微滴。(B) 用压电非接触式点样，样本从喷嘴中被推注到基片上形成微滴。



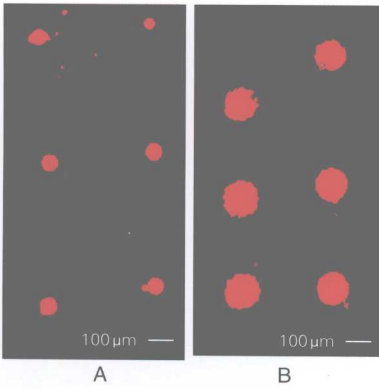
彩图10.7 TopSpot非接触式点样技术

TopSpot非接触式点样技术包括带点样节流孔的点样头[(A)左]、连接节流孔和储液器的毛细管信道[(A)中]、适于手动载样的储液器[(A)右];点样操作示意图显示带压电控制器的顶部装置(B)，样本注入储液器并经毛细管通道填充微孔(C)，待点样的顶部装置(D)以及压电控制气动点样顶部装置使得微滴喷出(E)，基质上的点样微滴并回到点样位置(F)。



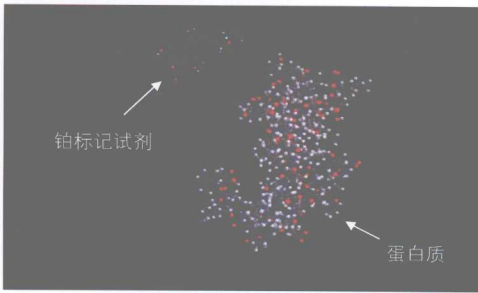
彩图6.2 微阵列中的GST融合蛋白含有保持其结合特异性的蛋白质相互作用结构域

总计221种不同的GST融合蛋白被点样固定在硝酸纤维素包被的玻片上。(A) 微阵列用抗-GST-抗探查并用FITC标记的二抗进行检测。(B) 微阵列用Cy5标记的SmB'多肽(biotin-PPG-MRPPPPGMRRGPPPPGMRPPRP)进行探查。(C) 微阵列用Cy3标记的P3多肽(biotin-GVSVRGRGAAPPPPPVPRGRGVGP)进行探查。(D) 叠加Cy3和Cy5信号形成复合图像。红点是SmB'作用的标志，而黄点则表示结构域与SmB'和P3具有相似的特异性和亲和力。(E) 点样融合蛋白的全息图。(F) 表示蛋白质的点样模式。每一小格含有12种融合蛋白，每种融合蛋白如图所示点在不相邻的两个位点上，作为阴性对照的GST被置于小方格的中央位点以控制与GST的非特异性结合。



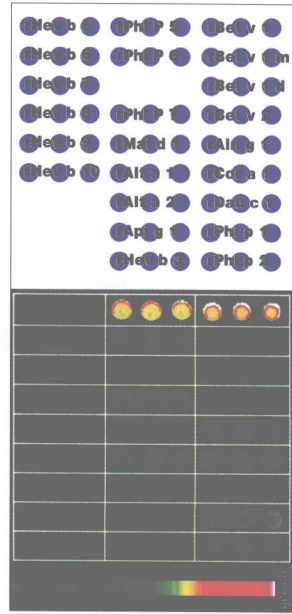
彩图11.7 扫描的荧光图像显示用BioLP™ 技术点样的微阵列

(A) 生物素标记的BSA点样并用Cy5标记的链霉亲和素染色；(B) 抗-BSA抗体微阵列与含有生物素标记的BSA的样品反应，用Cy5标记的链霉亲和素染色。标尺均为100 μm。



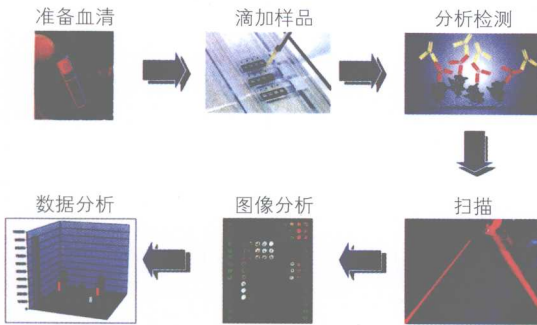
彩图12.3 蛋白质标记试剂和蛋白质的分子模型

应用Universal Linkage System (ULS®) 标记试剂直接把铂标记到蛋白质表面的甲硫氨酸、组氨酸、半胱氨酸残基上。该技术由Kreatech生物技术公司 (Amsterdam, The Netherlands) 研发。



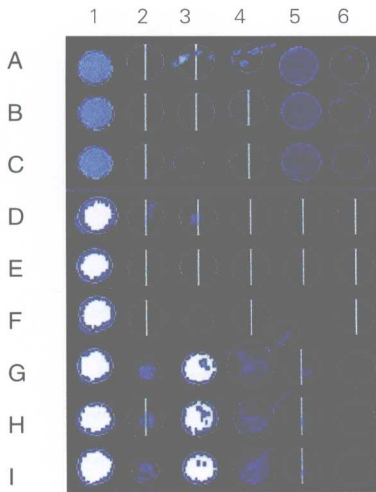
彩图13.3 微阵列检测病人血清IgE水平

与病人血清反应后，经荧光标记二抗染色的过敏原微阵列荧光图像（下图）。每种过敏原（图上部）打印点样三次。微阵列冲洗后，用微阵列扫描仪扫描，荧光强度用0~65535的荧光计数表示（条形图）。过敏原来源、UniCAP® 产品编号、UniCAP® 结果如下：rBet v 1 (*Betula verrucosa*, Rt205), 12.8kUA/L; rBet v 2 (Rt206), 0.8 kUA/L; 黑桤木 (*Alnus incana*, t2), 20.4 kUA/L; 榛子 (t4), 9.86 kUA/L; 胡萝卜 (f31), 1.97 kUA/L; rPhl p 1 (Rg205), 10.6 kUA/L; rPhl p 2 (Rg206), 2.03 kUA/L; rPhl p 5 (Rg208), 11.6 kUA/L; rPhl p 6 (Rg209), 3.75 kUA/L; rPhl p 7 (Rg210), 1.78 kUA/L; 苹果 (*Malus-sylvestris*, f49), 3.85 kUA/L; 链格孢 (m6), 3.71 kUA/L; 芹菜 (*Apium graveolens*, f85), 1.78 kUA/L; 橡胶 (*Hevea Brasiliensis*, k82), 1.86 kUA/L。



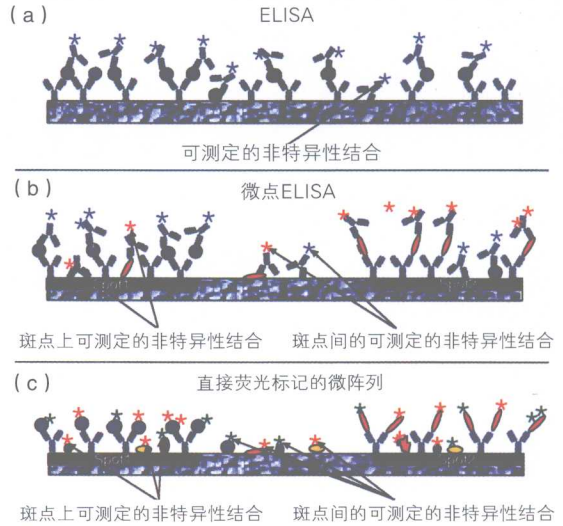
彩图13.1 过敏原微阵列检测图解

样本准备好后，每孔加30 μL 等份血清，室温条件下孵育120min，过敏原与血清中IgE抗体特异性结合。再加入Alexa 546标记的抗α-IgE抗体（二抗），孵育60min，检测微阵列上结合的IgE抗体。洗去微阵列上未结合的二抗，用传统的微阵列扫描仪扫描，获得荧光信号图像，再使用自动化软件分析图像和数据。



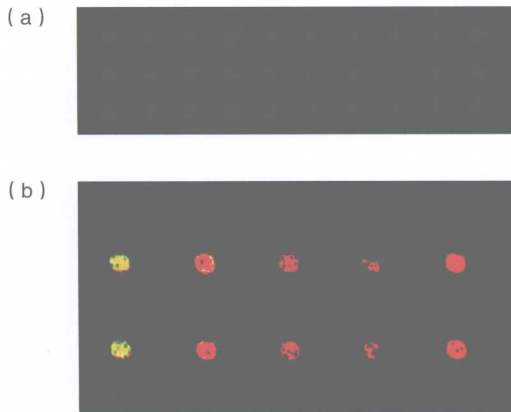
彩图13.12 微阵列图像包含排列不齐的位点和其他人为错误，如没有合适的质量控制，会产生错误的结果

一些位点有荧光斑点状背景（A3和A4），可以通过均值/中位数比例质量控制法排除。有些三重位点只有一个点能被软件读取（A3~C3），自动化质量控制就会从数据中剔除该三联位点。点F5排列错误，该点结果也被排除，因为对应于其他两个重复点的位置，该点的均值/中位数比值、点的直径异常。H2的直径太小，软件也不能定量。如果荧光强度中位数不能显著大于背景，质量控制系统会报告“未发现”。



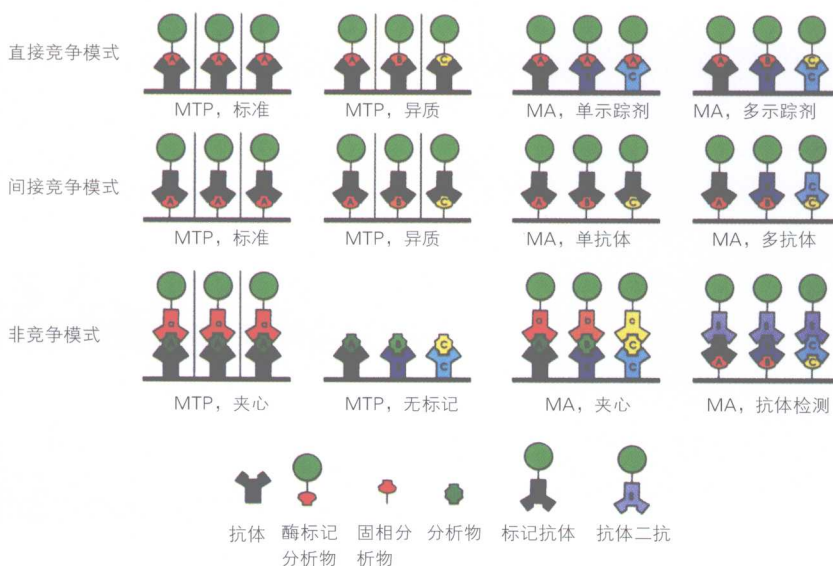
彩图14.4 各种免疫检测系统中噪声来源的机理解释

ELISA的噪声（a）来自于二抗的非特异性结合。微点ELISA（b）的噪声随二抗数量的增加而增加。抗体微阵列（c）的噪声只取决于直接荧光标记探针的复杂性。



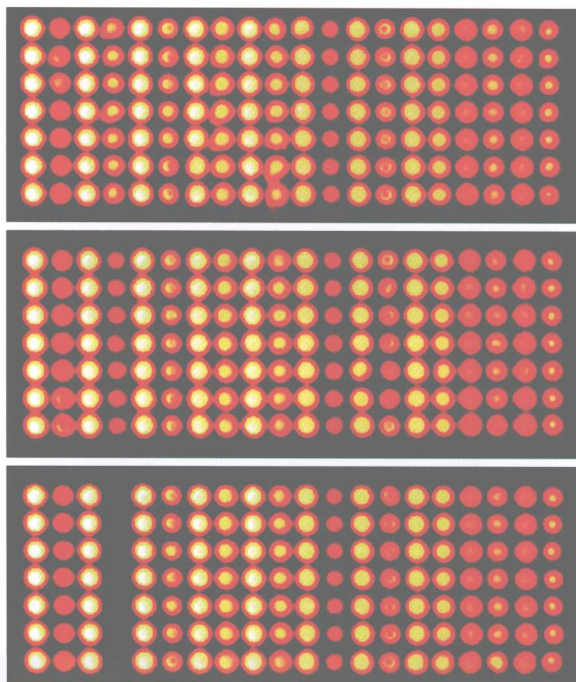
彩图14.6 印迹于环氧硅烷表面的抗体微阵列

（a）玻片上印有3种不同的抗体（ $8\mu\text{L}$ 印迹溶液，抗体浓度为 1mg/mL ）；（b）用直接荧光法标记和环氧硅烷玻片相作用的蛋白质谱。这些蛋白质分离自结肠癌细胞株HT29，并用两种不同的荧光染料标记。



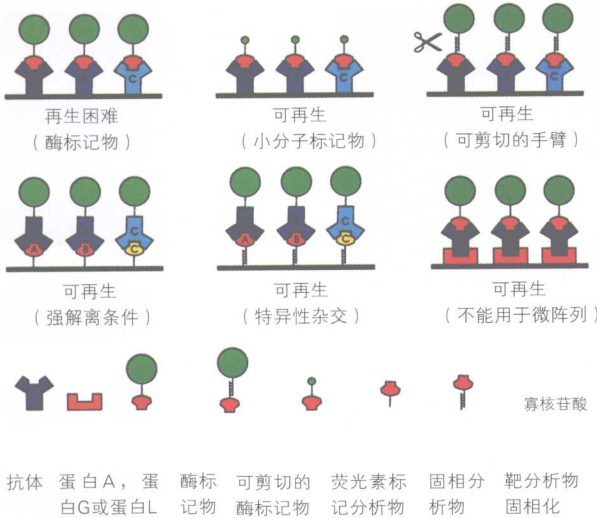
彩图15.2 微量滴定盘 (MTP) 和微阵列 (MA) 免疫模式的比较

注意以上图标并非按比例绘制, 也不代表各试剂的所有特性 (例如图中所有抗体均显示为单价), 有些检测模式用简化方式说明。在许多情况下, 会使用两种抗体 (一级抗体和标记的二级抗体) 而非图示中的一种直接标记抗体。在竞争测定中未显示出待测分析物, 更详细的说明参见表15.3。



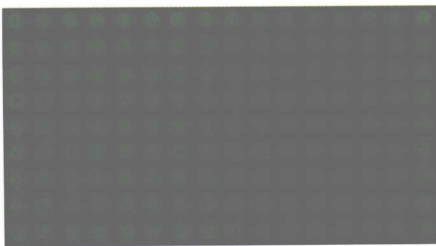
彩图15.4 牛乳中抗生素检测的微阵列传感器数据分析

模块 (上)、模块 (中)、模块 (下) 分别代表牛乳样品中检测出的氯唑西林浓度为0mg/L (上)、1mg/L (中) 和100mg/L (下)。列2: 青霉素G; 列4: 氯唑西林; 列6: 磺胺; 列8: 磺胺; 列10: 磺胺二甲嘧啶; 列12: 链霉素; 列14: 庆大霉素; 列16: 新霉素; 列18: 红霉素; 列20: 太乐霉素; 其他列为三硝基素半抗原参照列。检测时间少于5min。

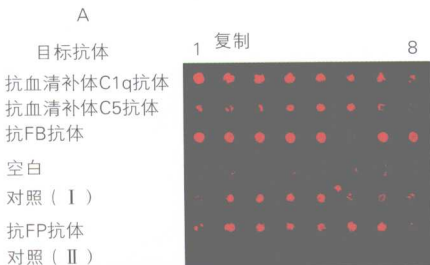


彩图15.6 免疫传感器再利用的基本概念

(1) 对于以酶作为标记物的直接竞争性免疫测定, 再生的主要问题在于酶与传感器表面的不可逆反应; (2) 以荧光标记的直接竞争性免疫测定可以再生循环几百次; (3) 采用可剪切的寡核苷酸手臂的生物传感器系统, 可以再生循环若干次; (4) 用于检测半抗原的间接竞争性免疫测定, 虽然条件要求苛刻, 也可再生循环>100次; (5) 采用可示踪试剂的间接竞争性免疫测定, 据报道可再生循环几百次; (6) 包被有蛋白A的直接竞争性免疫测定, 为单分析物系统提供了一个切实可行的再生方法。

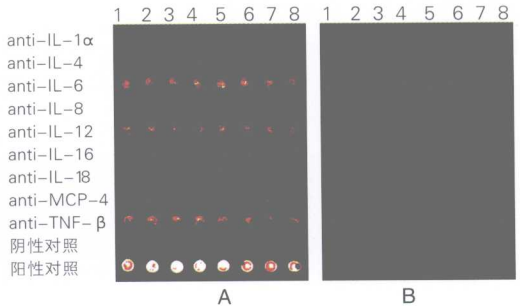


彩图16.6 含有144个Cy3标记的抗兔IgG蛋白质点的蛋白质微阵列



彩图17.2 用SinFabs微阵列所做的Cy5标记的人血清蛋白组学分析

4种对补体因子有特异性的重组人亲和标签 (tag) scFv抗体片段被印制在抗-tag抗体包被的玻璃片上, 每个抗体片段都被印制成一排8点, 同时与对照组比较; (A) 用人天然血清孵化的微阵列的Cy5扫描图像。

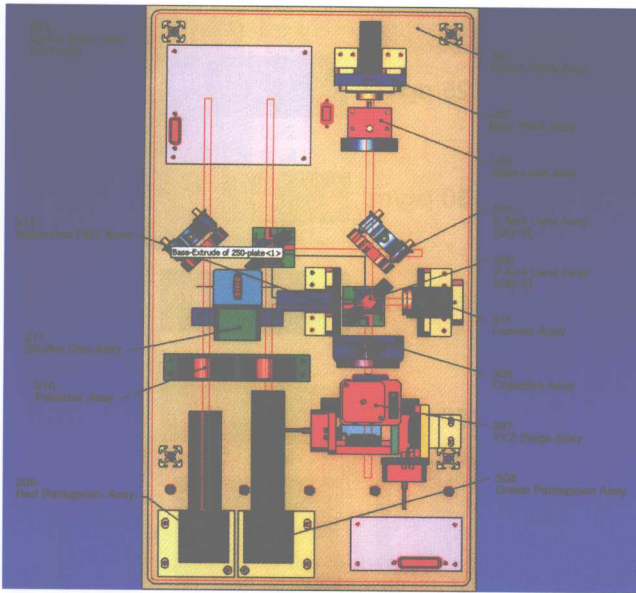


彩图17.1 用SinFabs微阵列对活化 (Cy5标记) 和未活化 (Cy3标记) 的细胞溶解产物的比较蛋白质组学研究

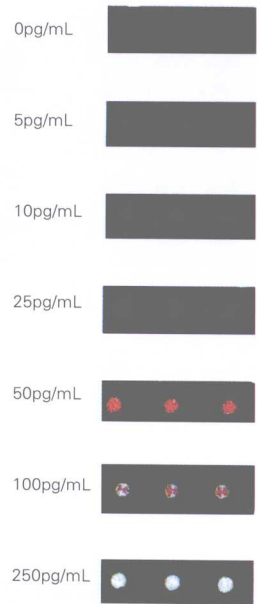
这些细胞来源于人单核细胞分化的树突状细胞。用9种对人的不同细胞因子有特异性的重组人SinFabs [17], 同时用一个阴性对照和一个阳性对照 (对霍乱毒素B组分有特异性的scFv-CT), 它们都被点样在Ni²⁺包被的玻璃片上, 每个被同时点样成一排8点。Cy5标记的CT被加入样本作为阳性对照, 两种不同标记的蛋白质1:1混合后在同一个微阵列中孵育分析。(A) 用天然的细胞溶解产物孵化的微阵列的Cy5扫描图像; (B) 用天然的细胞溶解产物孵化的微阵列的Cy3扫描图像。



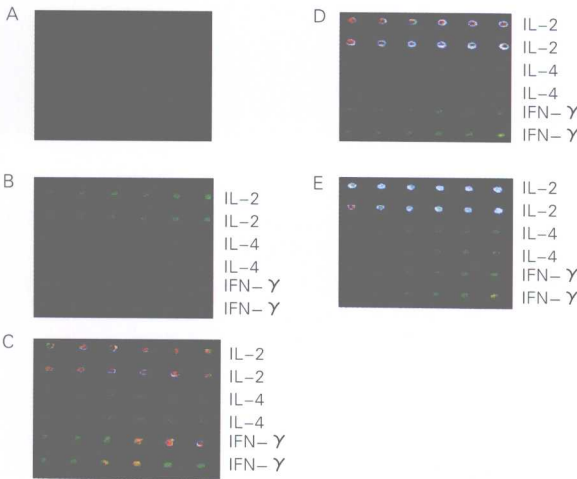
彩图18.3 用于多层BioFilmChip™微阵列的基质和表面化学物质层



彩图18.4 带有双激光和数码相机的INFINITI™ 共聚焦显微镜



彩图18.5 IL-2夹心免疫分析 抗原浓度为0pg/mL到250 pg/mL

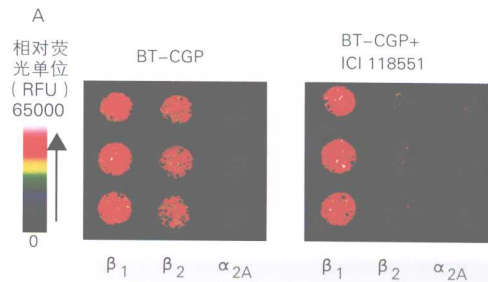


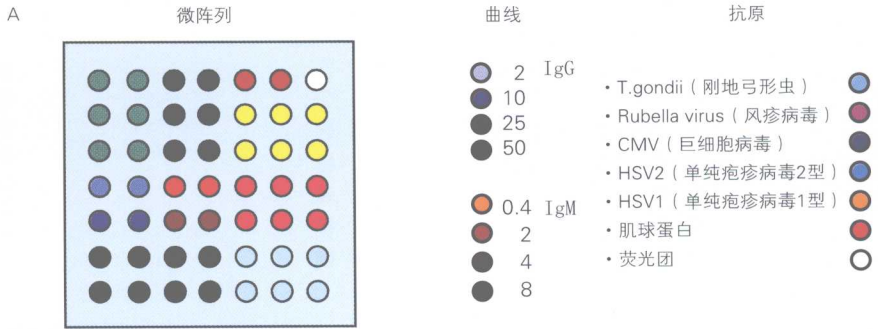
彩图18.7 多重免疫分析

多重免疫分析，包括IL-2、IL-4和IFN- γ 抗体点样，每列6个点样点；分别与IL-2、IL-4和IFN- γ 抗原反应，抗原浓度为0pg/mL，10pg/mL，25pg/mL，50pg/mL和100 pg/mL。IL为白介素；IFN- γ 为 γ -干扰素

彩图20.2 肾上腺素受体微阵列选择性结合和抑制试验的荧光图片和荧光值直方图

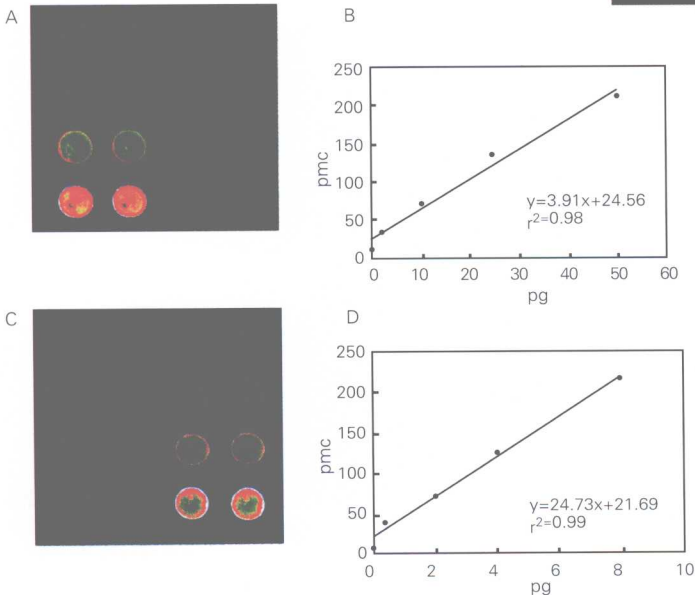
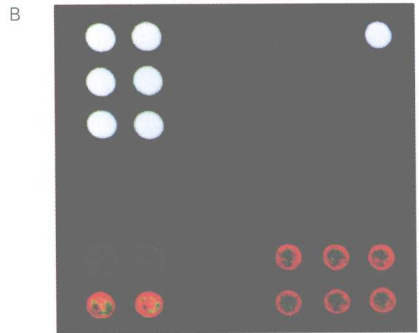
(A) 肾上腺素受体 (含 β_1 、 β_2 和 α_{2A} 三种受体) 芯片经5nmol/L的BT-CGP (左) 和5nmol/L BT-CGP与10nmol/L的ICI118551 (右) 孵育后的荧光扫描图。





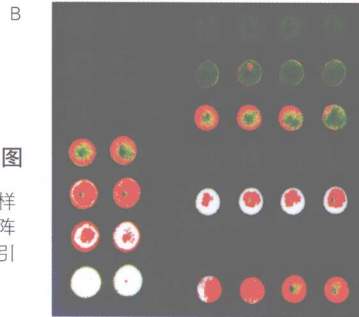
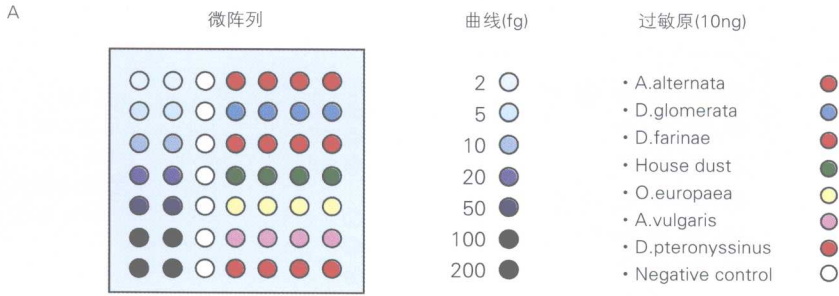
彩图21.1 微生物微阵列 (microbial microarray) 模式和荧光扫描示意图

(A) 为图 (B) 的微生物微阵列示意图。
 (B) 与血清孵育以及用Alexa 546-标记的抗人IgG显色得到的微生物微阵列荧光扫描图, 信号强度随反应强弱而不同。(经Clinical Chemistry的许可而引用^[3])。



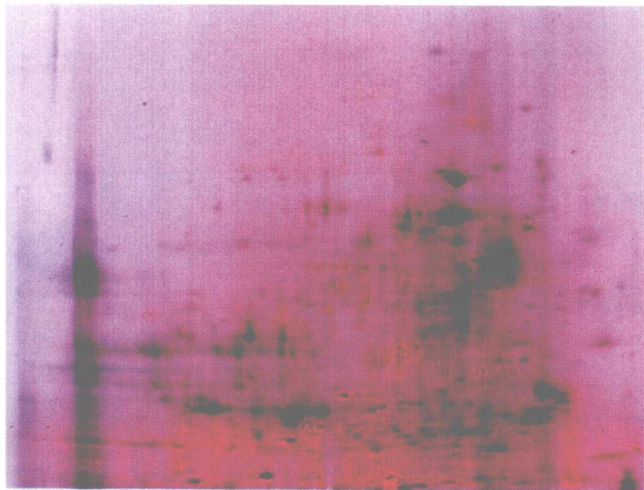
彩图21.2 微生物微阵列的内部剂量-反应曲线图示和荧光扫描图

点样的微阵列区域随人体IgG (A) 和IgM (C) 的浓度 (从上到下) 逐渐增加的荧光扫描图。荧光信号分别由与Alexa 546和Alexa 594标记的抗-IgG和IgM抗体产生。在相应的坐标图上 (B和D), 用两次测得的光电倍增管读数的平均值 (pmc), 绘制成一个测定浓度用的剂量-反应曲线。回归方程式和相关系数见图。(经Clinical Chemistry许可而引用^[3])。



彩图21.3 过敏原微阵列图和荧光扫描结果图

(A) 过敏原微阵列形式的演示图; (B) 用血清样本和抗人IgE二抗及TSA试剂直接反应后过敏原微阵列结果荧光扫描图(经Clinical Chemistry许可而引用^[3])。

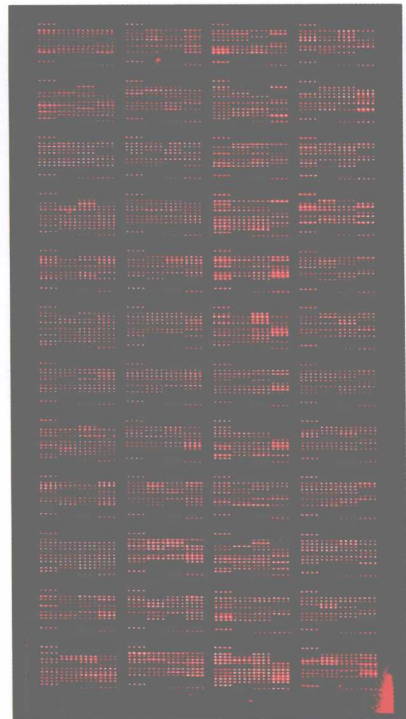


彩图22.1 用T2细胞经编码与抗原提呈(TAP)作用相关的两种载体基因的cDNA转染后制备的微粒体

得到的微粒体与50 μ L胞质溶胶、5 μ L 1 mmol/L ATP和1 μ L 1mg/mL九聚物(nonameric)肽(RRYQKSTEL)在37 $^{\circ}$ C共同孵育1min, 薄膜部分17000r/min离心沉淀并用Cy3标记。除了省略对肽的处理外, 第二份样本的处理相似, 膜的成分用Cy5标记。每一种膜制备物取100 μ g混合后, 用2D-PAGE分析, 两种荧光图像被捕获和覆盖。已经从微粒体易位到胞质溶胶中的蛋白质用红色显示, 蛋白质水平无变化的用绿色显示, 在未处理的样本中高水平存在的蛋白质用蓝色显示。

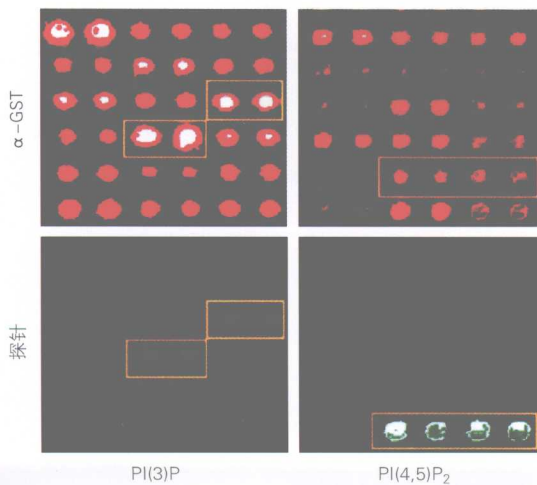


彩图22.8 野生性的p53和49个变异体在SAM2上进行双重点样，然后用Cy3标记的针对共同抗原决定簇的抗体来探测显示蛋白质的结合点（A）或用Cy3标记的GADD45双链DNA来检测启动子成分DNA的差异性结合（B）。



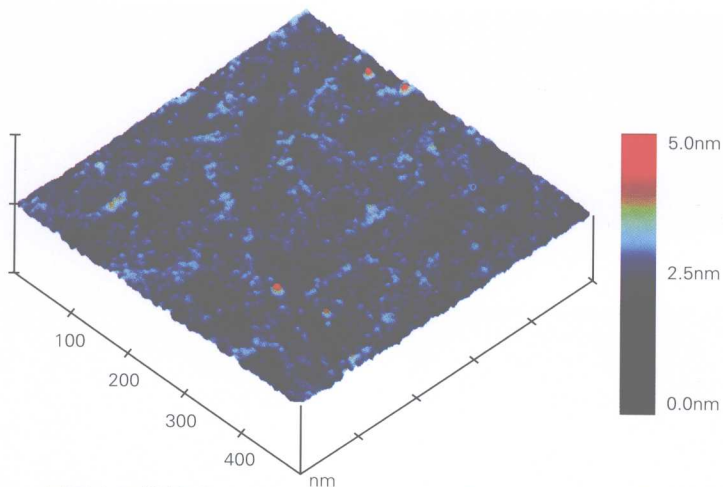
彩图23.9 打印有1000种人类蛋白质阵列的荧光图

用针型微阵列仪将每种蛋白质一式四份印在玻片上。用兔抗-GST抗体和Cy5标记的抗兔抗体就能观察到蛋白质。



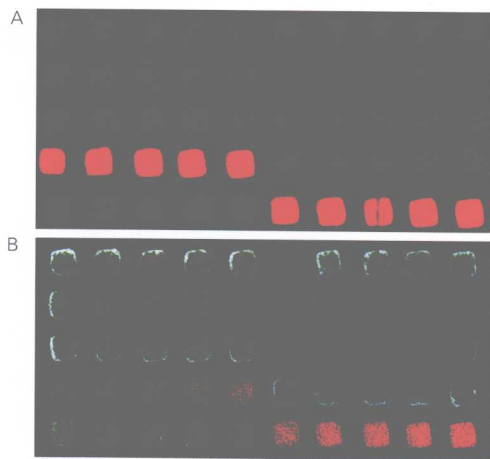
彩图23.11 在酵母蛋白质微阵列上检测蛋白质-脂类相互作用的描述图

底部栏面显示了用含有两种磷酸肌醇的脂质体探查的部分微阵列的阳性信号。顶部栏面显示用抗GST抗体探查微阵列同一个部分的信号，表明了每种打印蛋白质的存在 [图经作者 (Zhu et al [3]) 许可而引用]。



彩图24.1 原子力显微镜 (AFM) 分析玻璃基片表面。用AFM对原子平玻璃基片 (SuperClean) 扫描获得的图像

数据表示为彩虹强度 (rainbow intensity scale) 红色代表 5.0nm。基质的平均平整度为大约 2.0nm (20Å) 或大约10个二氧化硅键。



彩图24.2 已打印蛋白质微阵列稳定性测试

(A) 来自QED Biosciences公司 (San Diego, CA, USA) 的10个单克隆抗体和多克隆抗体以0.1~0.5 μg / μL的终浓度稀释在1×ArrayIt™ 蛋白质打印点样缓冲液中, 每个样品在ArrayIt™ SuperEpoxy基片上用SpotBlot Personal Microarrayer驱动SMP9微针点样针打印5次。打印的蛋白质微阵列用含有1% BSA的PBS封闭30min, 用PBS洗3次, 每次2min。抗体微阵列分别与Cy3-羊抗兔和Cy5-羊抗鼠共育60min, 荧光标记物用含0.5%BSA的PBS稀释到1:1000。微阵列用PBS洗3次, 每次5min, 干燥后扫描。用来自PerkinElmer的Quantarray软件分析双色图像。所有温育和洗涤温度均为室温 (22°C)。数据显示了抗体与SuperEpoxy表面的偶联效率以及抗体-抗体之间结合反应的效率及特异性; (B) 与A同样的实验, 只是打印蛋白质微阵列和试剂使用前都在4°C放置了1年。打印微阵列储存在玻片盒中, 荧光标记抗体冻干保存于微量离心管中。尽管由于荧光染料的降解, 信号强度有所减弱, 但定性结果是相同的, 表明打印抗体分子和标记试剂的稳定性。

丛书序

生命科学在 21 世纪已从基因组的研究进入功能基因组或结构基因组的研究,也就是说要在蛋白质结构的基础上研究基因编码的各种蛋白质的功能,并从传统的单个蛋白质的研究走向细胞内蛋白质群体的研究,从而更加深入地揭示生命活动的奥秘。这方面的工作构成了当今生命科学研究的前沿,即蛋白质科学。

人类对蛋白质重要性的认识源远流长。1878 年恩格斯在《反杜林论》中就指出“生命是蛋白体的存在形式”。不过当时对蛋白质的本质和结构还知之甚少。不久,瑞典的 Theodor Svedberg 利用他首创的超离心技术才知道蛋白质分子是均一的并具有固定的分子量。此后,剑桥大学的 Frederick Sanger 利用纸电泳和纸层析测出了第一个蛋白质——胰岛素的一级结构;Max Perutz 和 John Kendrew 利用他们首创的重原子同晶置换技术测出了第一个蛋白质——肌红蛋白晶体的三维结构。我国对蛋白质的研究起步也不晚。20 世纪二三十年代,北京协和医学院吴宪领导的实验室对蛋白质的变性作用进行了深入系统的研究,提出蛋白质变性的实质是蛋白质分子从紧密而有序的结构变为散漫而无序的结构。吴宪的蛋白质变性学说对当前蛋白质分子折叠的研究仍然具有现实意义。及至 20 世纪五六十年代,中国科学院生物化学研究所、有机化学研究所和北京大学又通过社会主义大协作合成了胰岛素,而且得到了晶体。这不仅是世界上第一次在实验室合成了具有天然构象的蛋白质,而且彻底证明了“一级结构决定高级结构”这一重要原理。随后,我国又独立测出了胰岛素晶体的三维结构。正是由于国内外这些开创性的工作,才有了当前蛋白质科学的蓬勃发展。

回顾蛋白质科学发展的历程,我们可以看到先进技术对科学发展的无比重要性。除了上述的超离心、色谱、电泳、重原子同晶置换等技术以外,后来涌现的高压液相层析、二维凝胶电泳、毛细管电泳、质谱、生物芯片等技术又引领了蛋白质组学的研究,使我们有可能对细胞内的大量蛋白质群体进行综合研究。由此看来,科学与技术是相辅相成的,相互促进的,二者缺一不可。

在人类基因组已被基本破译的基础上,成千上万的蛋白质的结构与功能及其相互作用亟待阐明。蛋白质科学的研究成果将有助于阐明生命现象的本质和活动规律,为多种疾病的致病机理和防治提供理论依据。因此,蛋白质

科学是发达国家激烈争夺的制高点，成为近年来生命科学不断取得重大突破的热点领域。我国对蛋白质科学也给予了高度重视，《国家中长期科学和技术发展规划纲要（2006—2020年）》将“蛋白质研究”列为四项重大科学研究计划之一。在广大科研人员的共同努力下，我国在蛋白质研究领域已开始出现与国际先进水平基本同步的良好发展态势，取得了一些重要的理论和应用成果，陆续在“Nature”、“Science”、“Cell”等重要期刊上发表了一批有影响的论文。

正是在这样的背景下，化学工业出版社及时出版的这套《蛋白质科学与技术丛书》很有现实意义。丛书由相互独立而又彼此联系的各分册组成，主题包括“理论”和“技术”两个层面，现阶段以“技术”为主。归纳起来，这套丛书具有以下一些特色。

1. 选题涉及的范围较为广泛。从蛋白质的基础理论，到研究的各种技术方法，以至于前沿的蛋白质组研究，在丛书中都有体现，以满足不同方向、不同层次的科研和教学需要。

2. 编写队伍具有较高水准，由中国科学院、军事医学科学院、北京大学、南京大学等单位活跃在第一线的学术骨干为主编写。

3. 编写人员分布在国内外各研究机构，因而能扬各家之长，并体现国际化的学术合作。

值得欣慰的是，目前这套丛书已通过立项成为国家“十一五”重点图书出版项目，其编写计划也得到了学术界的大力支持，进展顺利。计划两年内陆续出版的第一批书目包括：

| | |
|-----------|-----------|
| 蛋白质化学 | 蛋白质物理学概论 |
| 蛋白质组学原理 | 蛋白质化学分析技术 |
| 蛋白质电泳技术指南 | 蛋白质色谱分离技术 |
| 重组蛋白质制备技术 | 蛋白质光谱技术 |
| 蛋白质质谱技术 | 蛋白质微阵列 |

蛋白质科学的研究方兴未艾，今后的发展任重而道远。面对这一挑战，《蛋白质科学与技术丛书》的出版必将促进我国的蛋白质科学在已有的基础上进一步发扬光大。同时，随着这一领域的飞速发展，也希望这套丛书能不断推出后续的新篇和新人新作。

中国科学院院士

张友尚

2007年4月26日