



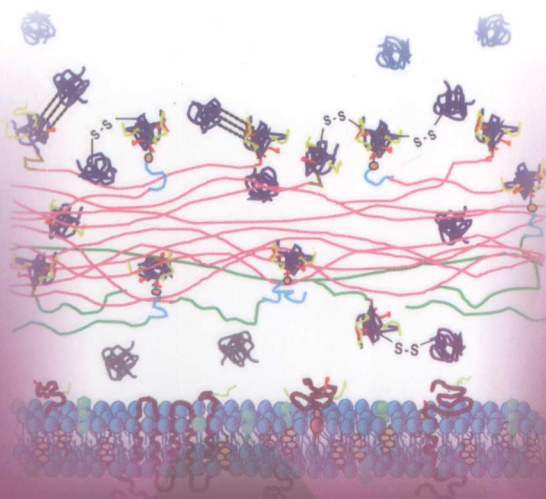
MICROBIAL PROTEOMICS

FUNCTIONAL BIOLOGY OF WHOLE ORGANISMS

微生物蛋白质组学

[英] I. 汉弗莱·史密斯 (Ian Humphery-Smith) 编
[德] M. 黑克尔 (Michael Hecker)

王恒樑 岳俊杰 朱力 等译
苏国富 主审



化学工业出版社



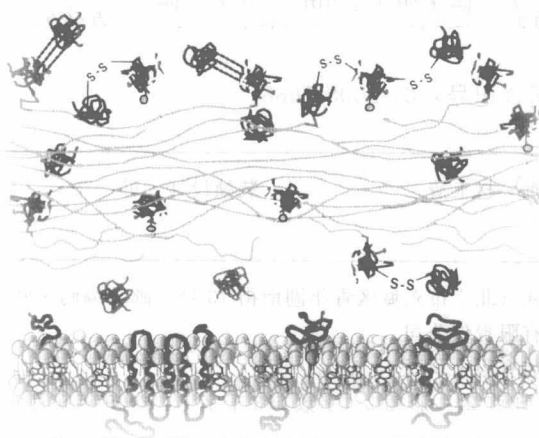


MICROBIAL PROTEOMICS

目 录

FUNCTIONAL BIOLOGY OF WHOLE ORGANISMS

微生物蛋白质组学



 化学工业出版社

· 北京 ·

图书在版编目 (CIP) 数据

微生物蛋白质组学/[英] 汉弗莱·史密斯 (Humphery-Smith, I.), [德] 黑克尔 (Hecker, M.) 编; 王恒樑等译. —北京: 化学工业出版社, 2009. 7

书名原文: Microbial Proteomics: Functional Biology of Whole Organisms

ISBN 978-7-122-05686-3

I. 微… II. ①汉…②黑…③王… III. 微生物-蛋白质-基因组-研究 IV. Q939 Q51

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2009) 第 083307 号

Microbial Proteomics: Functional Biology of Whole Organisms/by Ian Humphery-Smith and Michael Hecker

ISBN 978-0-471-69975-0

Copyright© 2006 by John Wiley & Sons, Inc. All rights reserved.

Authorized translation from the English language edition published by John Wiley & Sons, Inc.

本书中文简体字版由 John Wiley & Sons, 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: 01-2008-1688

责任编辑: 傅四周 郎红旗 赵玉清
责任校对: 洪雅妹

装帧设计: 韩 飞

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

印 刷: 北京永鑫印刷有限责任公司

装 订: 三河市万龙印装有限公司

787mm×1092mm 1/16 印张 24 彩插 2 字数 593 千字 2009 年 9 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: 98.00 元

版权所有 违者必究

翻译人员名单

(以姓氏笔画为序)

主译：王恒樑 岳俊杰 朱 力
主审：苏国富
译者：卜 歆 王瑞白 牛 超 王恒樑 冯尔玲 朱 力 朱联辉 刘先凯
李丽莉 张静飞 张 影 应天翼 苏国富 岳俊杰 郑学学 赵 格
袁 静 曹晓玉 谢超华 谭明峰

第1章	王恒樑译	刘先凯校
第2章	王恒樑译	苏国富校
第3章	朱 力译	王恒樑校
第4章	赵 格 卜 歆译	王恒樑校
第5章	李丽莉译	朱 力校
第6章	赵 格译	王恒樑校
第7章	朱 力译	王恒樑校
第8章	谢超华译	朱 力校
第9章	张静飞 曹晓玉译	朱 力校
第10章	曹晓玉 张静飞译	朱 力校
第11章	王瑞白 朱联辉译	岳俊杰校
第12章	应天翼译	王恒樑校
第13章	牛 超译	岳俊杰校
第14章	朱 力译	王恒樑校
第15章	岳俊杰译	王恒樑校
第16章	郑学学译	朱 力校
第17章	袁 静 冯尔玲译	岳俊杰校
第18章	张 影译	朱 力校
第19章	岳俊杰译	王恒樑校
第20章	牛 超译	岳俊杰校
第21章	岳俊杰译	王恒樑校
第22章	岳俊杰译	王恒樑校
第23章	谭明峰译	岳俊杰校

— 撰稿人名单

- Tim Alefantis**, Vital Probes, Mayfield, Pennsylvania, *Identification of Protein Candidates for Developing Bacterial Ghost Vaccines against Brucella*.
- David J. Anderson**, Biological Sciences Division, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis*.
- Gordon A. Anderson**, Biological Sciences Division, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis*.
- Haike Antelman**, Institut für Mikrobiologie, Ernst-Moritz-Amdt-Universität, Greifswald, Germany, *A Proteomic Survey through the Secretome of Bacillus subtilis*.
- Rolf Apweiler**, European Bioinformatics Institute, Hinxton, Cambridge, United Kingdom, *Databases and Resources for in silico Proteome Analysis*.
- Robert Benyon**, Protein Function Group, Faculty of Veterinary Science, University of Liverpool, Liverpool, United Kingdom, *Strategies for Measuring Dynamics: The Temporal Component of Proteomics*.
- Sierd Bron**, Department of Genetics, Groningen Biomolecular Sciences and Biotechnology Institute, Haren, The Netherlands, *A Proteomic Survey through the Secretome of Bacillus subtilis*.
- Catherine R. Bruce**, Aberdeen Oomycete Group, College of Life Sciences and Medicine, University of Aberdeen, Aberdeen, Scotland, *Proteomic Studies of Plant-Pathogenic Oomycetes and Fungi*.
- Andreas Burkovski**, Lehrstuhl für Mikrobiologie, Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg, Erlangen, Germany, *Proteomics of Corynebacterium glutamicum: Essential Industrial Bacterium*.
- Phillip Cash**, Department of Medical Microbiology, University of Aberdeen, Aberdeen, Scotland, *Analyzing Bacterial Pathogenesis at the Level of the Proteome*.
- Ricardo Cavicchioli**, School of Biotechnology and Biomolecular Sciences, University of New South Wales, Sydney, New South Wales, Australia, *Proteomics of Archaea*.
- Ian N. Clarke**, Molecular Microbiology Group, University Medical School, Southampton General Hospital, Southampton, United Kingdom, *Quest for Complete Proteome Coverage*.
- Diego Comerchi**, Instituto de Investigaciones Biotecnológicas, Universidad Nacional de General San Martín, Buenos Aires, Argentina, *Identification of Protein Candidates for Developing Bacterial Ghost Vaccines against Brucella*.
- Vito G. DelVecchio**, Vital Probes, Mayfield, Pennsylvania, *Identification of Protein*

Candidates for Developing Bacterial Ghost Vaccines against Brucella.

- Oleg V. Demin**, A. N. Belozersky Institute of Physico-Chemical Biology, Moscow State University, Moscow, Russia, *Cellular Modeling of Biochemical Processes in Microorganisms.*
- Dwayne A. Elias**, Biological Sciences Division, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis.*
- Jim Frederickson**, Environmental Molecular Sciences Laboratory, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis.*
- Concha Gil**, Department of Microbiology II, Faculty of Pharmacy, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain, *Candida albicans Biology and Pathogenicity: Insights from Proteomics: Contributions of Proteomics to Diagnosis, Treatment, and Prevention of Candidiasis.*
- Carol S. Giometti**, Argonne National Laboratory, Argonne, Illinois, *A Tale of Two Metal Reducers: Comparative Proteome Analysis of Geobacter sulferreducens PCA and Shewanella oneidensis MR-1.*
- Amber Goodchild**, Johnson & Johnson Research, Eveleigh, New South Wales, Australia, *Proteomics of Archaea.*
- Igor Goryanin**, Edinburgh Centre for Bioinformatics, University of Edinburgh, Edinburgh, Scotland, *Cellular Modeling of Biochemical Processes in Microorganisms.*
- Celia W. Goulding**, UCLA-DOE Institute of Genomics and Proteomics, Los Angeles, California, *Structural Proteomics and Computational Analysis of a Deadly Pathogen: Combating Mycobacterium tuberculosis from Multiple Fronts.*
- Guido Grandi**, Chiron Vaccines Research, Sienna, Italy, *Genomics and Proteomics in Reverse Vaccines.*
- Laura J. Grenville-Briggs**, Aberdeen Oomycete Group, College of Life Sciences and Medicine, University of Aberdeen, Aberdeen, Scotland, *Proteomic Studies of Plant-Pathogenic Oomycetes and Fungi.*
- Michael Hecker**, Institut für Mikrobiologie, Ernst-Moritz-Amdt-Universität, Greifswald, Germany, *A Proteomic Survey through the Secretome of Bacillus subtilis.*
- Richard Herrmann**, ZMBH Universität Heidelberg, Heidelberg, Germany, *Proteome of Mycoplasma pneumoniae.*
- Kim K. Hixson**, Biological Sciences Division, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis.*
- Lothar Jänsch**, Deutsche Forschung Gesellschaft, Biologisches Zentrum, Braunschweig, Germany, *Elucidation of the Mechanisms of Acid Stress in Listeria monocytogenes by Proteomic Analysis.*
- Paul Kersey**, European Bioinformatics Institute, Hinxton, Cambridge, United Kingdom, *Databases and Resources for in silico Proteome Analysis.*
- Akbar Khan**, Chemical and Biological Defense Directorate, Defense Threat Reduction Agency, Alexandria, Virginia, *Identification of Protein Candidates for Developing Bacterial Ghost Vaccines against Brucella.*

- Mogens Kilstrup**, Microbial Physiology and Genetics Group, Bio-Centrum-DTU, Technical University of Denmark, Lyngby, Denmark, *Proteomics of Lactococcus lactis: Phenotypes for a Domestic Bacterium*.
- Tamara Kulikova**, European Bioinformatics Institute, Hinxton, Cambridge, United Kingdom, *Databases and Resources for in silico Proteome Analysis*.
- Bernard Labedan**, Évolution Moléculaire et Bioinformatique des Génomes, Institut de Génétique et Microbiologie, Université Paris-Sud, Orsay, France, *Interspecies and Intraspecies Comparison of Microbial Proteins: Learning about Gene Ancestry, Protein Function, and Species Life Style*.
- Galina V. Lebedeva**, A. N. Belozersky Institute of Physico-Chemical Biology, Moscow State University, Moscow, Russia, *Cellular Modeling of Biochemical Processes in Microorganisms*.
- Olivier Lespinet**, Évolution Moléculaire et Bioinformatique des Génomes, Institut de Génétique et Microbiologie, Université Paris-Sud, Orsay, France, *Interspecies and Intraspecies Comparisons of Microbial Proteins: Learning about Gene Ancestry, Protein Function, and Species Life Style*.
- Ka Yin Leung**, Department of Biological Sciences, Faculty of Science, National University of Singapore, *Unraveling Edwardsiella tarda Pathogenesis Using the Proteomics Approach*.
- Mary S. Lipton**, Biological Sciences Division, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis*.
- Werner Lubitz**, Biotech Innovation Research Development and Consulting GmbH & Co KEG, Wien, Austria, *Identification of Protein Candidates for Developing Bacterial Ghost Vaccines against Brucella*.
- Maria Ines Marchesini**, Instituto de Investigaciones Biotecnológicas, Universidad Nacional de General San Martín, Buenos Aires, Argentina, *Identification of Protein Candidates for Developing Bacterial Ghost Vaccines against Brucella*.
- Christophe Masselon**, Biological Sciences Division, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis*.
- Eugeniy A. Metelkin**, A. N. Belozersky Institute of Physico-Chemical Biology, Moscow State University, Moscow, Russia, *Cellular Modeling of Biochemical Processes in Microorganisms*.
- Matthew E. Monroe**, Biological Sciences Division, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis*.
- Heather Mottaz**, Environmental Molecular Sciences Laboratory, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis*.
- César Nombela**, Department of Microbiology II, Faculty of Pharmacy, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain, *Candida albicans Biology and Pathogenicity: Insights from Proteomics; Contributions of Proteomics to Diagnosis, Treatment, and Prevention of Candidiasis*.

- Thomas Nyström**, Department of Cell Molecular Biology, Göteborg University, Göteborg, Sweden, *Oxidation of the Bacterial Proteome in Response to Starvation*.
- C. David O'Connor**, Centre for Proteomic Research and School of Biological Sciences, University of Southampton, Southampton, United Kingdom, *Quest for Complete Proteome Coverage*.
- Ljiljana Pasa-Tolic**, Biological Sciences Division, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis*.
- Luan Phan-Thanh**, Unité Pathologie Infectieuse et Immunologie, Institut National de la Recherche Agronomique, Nouzilly, France, *Elucidation of the Mechanisms of Acid Stress in Listeria monocytogenes by Proteomic Analysis*.
- Aida Pitarch**, Department of Microbiology II, Faculty of Pharmacy, Complutense University of Madrid, Madrid, Spain, *Candida albicans Biology and Pathogenicity: Insights from Proteomics; Contributions of Proteomics to Diagnosis, Treatment, and Prevention of Candidiasis*.
- Julie M. Pratt**, Protein Function Group, Faculty of Veterinary Science, University of Liverpool, Liverpool, United Kingdom, *Strategies for Measuring Dynamics: The Temporal Component of Proteomics*.
- Manuela Pruess**, European Bioinformatics Institute, Hinxton, Cambridge, United Kingdom, *Databases and Resources for in silico Proteome Analysis*.
- Mark Raftery**, Bioanalytical Mass Spectrometry Facility, University of New South Wales, Sydney, New South Wales, Australia, *Proteomics of Archaea*.
- P. S. Srinivasa Rao**, Department of Biological Sciences, Faculty of Science, National University of Singapore, *Unraveling Edwardsiella tarda Pathogenesis Using the Proteomics Approach*.
- Margaret F. Romine**, Environmental Molecular Sciences Laboratory, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis*.
- Thomas Ruppert**, ZMBH Universität Heidelberg, Heidelberg, Germany, *Proteome of Mycoplasma pneumoniae*.
- Paul Skipp**, Centre for Proteomic Research and School of Biological Sciences, University of Southampton, Southampton, United Kingdom, *Quest for Complete Proteome Coverage*.
- Richard D. Smith**, Biological Sciences Division, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis*.
- Michael Strong**, UCLA-DOE Institute of Genomics and Proteomics, Los Angeles, California, *Structural Proteomics and Computational Analysis of a Deadly Pathogen: Combating Mycobacterium tuberculosis from Multiple Fronts*.
- Yuen Peng Tan**, Department of Biological Sciences, Faculty of Science, National University of Singapore, *Unraveling Edwardsiella tarda Pathogenesis Using the Proteomics Approach*.
- Nikola Tolic**, Biological Sciences Division, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, Washington, *The AMT Tag Approach to Proteomic Characterization of Deinococcus radiodurans and Shewanella oneidensis*.

Rodolfo A. Ugalde, Instituto de Investigaciones Biotecnológicas, Universidad Nacional de General San Martín, Buenos Aires, Argentina, *Identification of Protein Candidates for Developing Bacterial Ghost Vaccines against Brucella*.

Jan Maarten van Dijk, Department of Molecular Bacteriology, University of Groningen, Groningen, The Netherlands, *A Proteomic Survey through the Secretome of Bacillus subtilis*.

Pieter van West, Aberdeen Oomycete Group, College of Life Sciences and Medicine, University of Aberdeen, Aberdeen, Scotland, *Proteomic Studies of Plant-Pathogenic Oomycetes and Fungi*.

Valerie Wasinger, Bioanalytical Mass Spectrometry Facility, University of New South Wales, Sydney, Australia, *Holistic Biology of Microorganisms: Genomics, Transcriptomics, and Proteomics*.

Jun Zheng, Department of Biological Sciences, Faculty of Science, National University of Singapore, *Unraveling Edwardsiella tarda Pathogenesis Using the Proteomics Approach*.

Ekaterina A. Zobova, A. N. Belozersky Institute of Physico-Chemical Biology, Moscow State University, Moscow, Russia, *Cellular Modeling of Biochemical Processes in Microorganisms*.

一 译者的话

在人类基因组计划完成后, 生命科学在 21 世纪已从基因组的研究进入功能基因组的研究, 从传统的对单个蛋白质进行的研究发展到对整个细胞内群体蛋白质的全面研究, 即蛋白质组学。蛋白质组学研究一个细胞是如何构造和维持生命的, 又如何生命活动的某一环节出现问题而死亡的。蛋白质组学这个词汇被使用了只不过 10 年时间, 现代表着一个正在迅速发展和成熟的学科。在短短的时间内它提供的关系生命系统的信息甚至比 10 年前开始的“基因组学革命”还要多。

本书概述了 10 年来在蛋白质组学研究方面积累的经验 and 取得的成果、面临的挑战和机遇, 并指出了今后研究的方向。本书的内容包括: 微生物/模式生物的蛋白质组学、蛋白质组学和细胞生理学、工业微生物的生理蛋白质组学、病原微生物的蛋白质组学以及蛋白质组数据库、生物信息学和生化模型。本书是对于从事蛋白质组学研究的科学家极为有用的参考书。因此我们组织了军事医学科学院生物工程研究所从事蛋白质组学研究的青年科学家对该书进行翻译, 奉献给广大对蛋白质组学研究感兴趣的国内同行, 希望能推动蛋白质组学研究在我国取得进一步发展。

本书适用于所有从事生命科学的科学工作者, 也可作为分子生物学专业研究生的教材或教学参考书。由于时间仓促及译者的知识范围和学术水平有限, 译文中难免存在疏漏和谬误之处, 恳请同行和广大读者不吝指正, 以免贻误读者, 译者将不胜感激。

王恒樑

军事医学科学院生物工程研究所
病原微生物生物安全国家重点实验室
2009 年 7 月于北京

— 前言

本书我们尝试重新组织了一批在微生物蛋白质组学——整体功能生物学方面最有造诣的科学家，为这个学科提供一个总体概览。目前还没有一个科学团体能更好地理解和阐释整个机体的生物学功能，因此，本书在这个几乎是人迹罕至的领域中前进了一段距离，尤其在更多的细节和焦点问题方面。这本书旨在使专家和初学者能够深入地探究这个迷人领域背后的东西，并且开始有意识地处理更加深奥的概念，比如，在一个最简单的机体内定义生命本身和生命的过程。薛定谔（Schrödinger）在其作品《生命是什么》（What is life, 剑桥大学出版社，1945年）中，在定义包含必要信息的系统的性质方面取得了显著的进步，即他的非周期性晶体。不久之后，冷泉港实验室的 Hershey（1908~1997）和他的助手 Martha Chase（1923~2003）指出，噬菌体病毒的脱氧核糖核酸（DNA）而不是蛋白质承载着噬菌体的基因，也就是生命的密码。在获得与本教科书中相类似的大量关键实验数据之后，我们现在能够更进一步，可以提炼生命系统的共同特征，并进一步地定义生命自身的特性。这种定义能将我们对这些复杂现象的理解精确地限制在一些有限的参数中。

在过去的半个世纪里，随着了解的更加深入，我们正逐渐认清这些精确地组成一个生命系统的数学限定和观测限定。如微生物，因为相对简单，它们成为广泛的实验研究的操作对象，这些研究针对两个生物学的需求——改善疾病的预防和治疗，以及更好地理解整个机体的生物学功能。在本书中，我们将看到大量很好的分析部分和整体模型的还原分析法例子。未来的工作将会面临更加使人畏惧的任务，即在生命系统内不同时空尺度上的这些信息之间建立更深入的联系，和整个外界环境之间的联系——所有这一切的目的都是为了生存和应对环境压力。

接下来几十年的研究方向主要致力于微生物的生理学、环境生态学和生物化学的研究，而从分子组成作为详细知识库的角度来看，我们研究机体整体行为的能力也仅仅是在最近10年才成为可能，即从 Fleishman 等在1995年6月的“Science”上发表第一个细菌的基因组测序结果开始。巧合的是，也是在1995年6月，Wasinger 等在科学期刊“Electrophoresis”上第一次使用并定义了蛋白质组学。

在过去的10年中我们看到了应用于微生物系统的基因组学、转录组学、蛋白质组学和系统建模。学术上和商业上的刺激无疑是这些研究的推动力，也就是第一次可以对全基因组、基因产物的分析进行预期并可以在严格条件（例如恒化器）下进行实验控制。

虽然微生物在实验上的易改造性可能是吸引人的，但事实却可能有某些不同，即知识库开始需要进一步回答表型方面的问题，并全面认知所有生物系统固有的高度的复杂性。对于生命过程中包含的分子和原子，必须完全忘记它们在细胞内和处在宇宙其他地方的区别。也就是说，在宇宙中的规律必须适用于每个分子，无论它出现在哪里。准确理解生命系统的困难和挑战主要在于：活细胞是怎样保证分子有序工作的？大部分的答案都将其归因于时空上的隔离并通过保持反应物的分离来维持生命过程。也就是生命艺术的最伟大之处在于阻止生命的停息。

事实上，尽管有了日益完整的实验数据，但我们只是刚刚触及从细胞或组织代代相传的生命力的表面。虽然如此，正如书中所说的那样，现在我们可以精确地计算与细胞半衰期（细胞加倍时间）相关联的信息、不同时间核糖核酸（RNA）和蛋白表达的水平、RNA与蛋白合成和降解速率、在细胞内时空上的隔离、代谢的产物，处理包括影响生理阈值的正负反馈通路的复杂生化

过程的系统化模型。反过来，后者赋予了整个细胞一个特定的生物活性。从一个初始起点——由前代获得的结构单元开始，子代必须管理细胞内的分子浓度，并且使用它的遗传装置来应答细胞在面对环境压力、各种冲击以及持续生存需要等方面时对细胞的需求。细胞内组分和分子丰度的平衡而后必须处理令人惊骇的 9.6 万亿个不同的蛋白质相互作用的可能性，在大肠杆菌蛋白质组表面上的 5-mer 结合位点的多样性促成了如此多的相互作用（Humphery-Smith 和 Gestel, 未发表的数据）。

我们希望读者能够与这门令人着迷的微生物蛋白质组学——整体功能生物学的学科有一个精彩的相聚。

Ian Humphery-Smith 和 Michael Hecker

(岳俊杰 译)

— 致谢

我们衷心地感谢 Lisa Shipley 和 Carol Mattacola 在整理章节和修改提交手稿中提供的帮助。另外，编者要感谢所有作者的贡献特别是他们在等待我们完成所有章节过程中的耐心。没有这些作者们的努力，本书就不可能达到在全部相关学科中公正地评判我们所选择的领域所必需的水平。

— 目 录

第一篇 微生物/模式生物的蛋白质组学研究

第 1 章 微生物的整体生物学：基因组学、转录组学和蛋白质组学	2
1.1 引言	2
1.2 蛋白质组的展望	2
1.2.1 进化的复杂性	2
1.2.2 内在的复杂性	3
1.3 各种工具的整合形成一个蛋白质组学“工具箱”	4
1.4 基因组、转录组和蛋白质组之间的关系	5
1.4.1 转录组和蛋白质组学	5
1.4.2 代谢组和蛋白质组学	6
1.5 模式生物为我们更好地了解生物系统做出了什么贡献	7
1.6 结论	7
致谢	8
参考文献	8
第 2 章 动态性测量的策略：蛋白质组学的暂时组分	11
2.1 引言	11
2.2 蛋白质周转机理的展望	12
2.3 微生物系统中蛋白质周转的测量	12
2.4 蛋白质组动态性测定的策略	13
2.4.1 生长条件	13
2.4.2 培养条件	14
2.4.3 前体的选择	14
2.5 实验策略	16
2.6 结论	17
致谢	17
参考文献	18
第 3 章 探寻“全蛋白质组覆盖率”	19
3.1 引言	19
3.2 什么是“全蛋白质组覆盖率”	20
3.3 目前阻碍获取更好蛋白质组覆盖率的因素	21
3.4 改善蛋白质组覆盖率的可行性策略	22
3.5 结论	25
致谢	26
参考文献	26
第 4 章 肺炎支原体的蛋白质组	29

4.1 引言	29
4.2 肺炎支原体的双向蛋白质组图谱	31
4.2.1 不溶于 Triton X-100 的部分	33
4.3 全蛋白质组分析的新方法——蛋白遗传绘图	33
4.4 双向电泳和 MudPIT 的比较	35
4.5 翻译后修饰	36
4.5.1 信号肽的切除	36
4.5.2 蛋白质的切割	37
4.5.3 磷酸化蛋白	37
4.6 其他支原体物种的蛋白质组	38
4.7 展望	38
参考文献	39
第5章 古细菌蛋白质组学	43
5.1 引言	43
5.2 蛋白质组概况	45
5.2.1 2DE 研究	45
5.2.2 LC-MS 研究	47
5.3 差异表达	47
5.3.1 2DE 研究	48
5.3.2 LC-MS 研究	49
5.4 翻译后修饰	50
5.5 将蛋白质组学与其他评估基因功能的方法相结合	50
5.6 结论	50
5.7 补遗	51
参考文献	52

第二篇 蛋白质组学和细胞生理学

第6章 通过蛋白质组分析阐明单核细胞增生李斯特菌的酸胁迫机制	56
6.1 引言	56
6.1.1 获得性酸耐受和天然酸耐受	56
6.2 单核细胞增生李斯特菌的酸胁迫的蛋白质组学	57
6.2.1 ASP 的生化意义	59
6.3 结论	63
致谢	63
参考文献	63
第7章 细菌蛋白质组在饥饿情况下的氧化	66
7.1 引言	66
7.2 为防止氧化损伤而进行的代谢调整	66
7.3 蛋白氧化修饰	67
7.4 饥饿的大肠杆菌细胞内的蛋白羧基化情况	68
7.5 大肠杆菌蛋白组的错译和氧化	68
7.6 蛋白氧化与错误蔓延	69
致谢	69
参考文献	69

第 8 章 两种金属还原菌的研究：硫还原土杆菌 PCA 和奥奈达希瓦菌 MR-1 的比较蛋白质组学分析	72
8.1 引言.....	72
8.2 理论蛋白质组.....	73
8.3 c 型细胞色素：金属还原菌特异的蛋白质组	75
8.4 全蛋白质组学与金属还原菌.....	75
8.4.1 硫还原土杆菌与奥奈达希瓦菌表达蛋白的检测.....	76
8.4.2 不同生长环境中的蛋白差异表达.....	79
8.5 结论.....	80
致谢	80
参考文献	81
第 9 章 AMT 标签方法确定耐放射性异常球菌和奥奈达希瓦菌的蛋白质组特征	83
9.1 引言.....	83
9.2 材料与方法	84
9.2.1 细菌培养.....	84
9.2.2 细胞裂解和胰酶酶解消化.....	85
9.2.3 毛细管液相色谱分析.....	85
9.2.4 质谱分析.....	86
9.2.5 肽段确认及匹配到开放阅读框.....	86
9.3 结果及讨论.....	86
9.3.1 注释.....	86
9.3.2 AMT 标签法	87
9.3.3 全局蛋白鉴定.....	88
9.3.4 用于可变编码模式和基因预测的蛋白质组数据.....	91
9.3.5 定量测量.....	93
9.4 结论.....	96
参考文献	97

第三篇 工业菌的生理蛋白质组学

第 10 章 重要的工业菌——谷氨酸棒状杆菌的蛋白质组学	100
10.1 谷氨酸棒状杆菌——生物加工厂.....	100
10.2 蛋白质组和亚蛋白质组.....	101
10.3 谁是谁.....	101
10.4 从头开始：谷氨酸棒状杆菌蛋白的 N 末端加工	102
10.5 蛋白修饰的分析.....	102
10.6 谷氨酸棒状杆菌的蛋白质组学和生理特性.....	103
10.7 工业应用.....	104
10.8 展望.....	105
致谢.....	105
参考文献.....	105
第 11 章 乳酸乳球菌的蛋白质组学：一个食用细菌的表型	108
11.1 引言.....	108
11.1.1 蛋白质组学分析中的多种方法.....	109