

一种快速、经济提取外周凝血基因组 DNA 方法的建立*

许丽娟 马 骁 王洋阳 王 静 潘 晴 刘 梅[△]

(江苏省分子医学生物技术重点实验室, 南京师范大学生命科学学院 江苏 南京 210046)

摘要 目的:建立一种经济、快速且高质量提取人体外周凝血 DNA 的方法。**方法:**摸索最佳的匀浆条件,对外周凝血块进行匀浆,采用 KI 法对匀浆液进行基因组 DNA 的提取,通过凝胶电泳、单重 PCR 和多重 PCR 检测凝血基因组 DNA 的提取产量和质量,并分别与常规的凝血基因组 DNA 提取方法,即蛋白酶 K 消化法,以及提取抗凝血基因组 DNA 的 KI 法进行比较分析。**结果:**最佳的匀浆条件为 39000 rpm,15 秒。在此条件下提取的基因组 DNA 完整性好,纯度和产量与蛋白酶 K 消化法提取凝血 DNA 和 KI 法提取抗凝血 DNA 的结果相比,没有统计学差异。单重 PCR 和多重 PCR 也获得了理想的扩增结果。**结论:**与常规的外周凝血提取方法相比(蛋白酶 K 消化法),本方法节省了时间和成本,能快速、经济、有效地提取外周凝血基因组 DNA,可用于后续的科研和临床诊断需要,解决了部分科研机构血液基因组 DNA 的样本来源问题。

关键词:凝血基因组 DNA 匀浆 KI 法 蛋白酶 K 消化法

中图分类号: R446 Q75 **文献标识码:** A **文章编号:** 1673-6273 (2011) 20-3946-05

Establishment of a Rapid Method for Extracting Human Genomic DNA from Peripheral Clotted Blood*

XU Li-juan, MA Xiao, WANG Yang-yang, WANG Jing, PAN Qing, LIU Mei[△]

(Jiangsu Key Laboratory for Molecular and Medical Biotechnology, Department of Life Science, Nanjing Normal University, Nanjing Jiangsu, 210046)

ABSTRACT Objective: To establish a rapid, economical method for extracting genomic DNA from peripheral clotted blood. **Methods:** Explore a optimum homogenate condition, homogenate the clotted blood, extracting the genomic DNA by KI method. Use agarose gel electrophoresis, single PCR and multiplex PCR detect the genomic DNA extraction yield and quality. And compared with the traditional extraction methods, Proteinase K digestion method and KI method which extract DNA from anti-coagulated blood. **Results:** The optimum homogenate condition is 39000 rpm and 15 seconds. The genomic DNA was extracted under this condition has good integrity. There is no significant difference of purity and yield between this method and Proteinase K digestion and KI method. Single PCR and multiplex PCR also obtained good amplification results. **Conclusion:** Compared with traditional extraction methods (Proteinase K digestion method), this method can save time and cost, which can extract DNA rapidly, economical and effectively, and can be used in clinical and research analysis, and can solve the blood genomic DNA sources of some of the research institutions.

Key words: Clotted blood genomic DNA; Homogenate; KI; Proteinase K digestion

Chinese Library Classification (CLC): R446 Q75 **Document code:** A

Article ID: 1673-6273(2011)20-3946-05

前言

基因组 DNA 的提取是基因分析的第一步,也是关键的一步。目前临床上提取基因组 DNA,多采用外周血作为材料,因为外周血的取材方便,不受地点、时间等因素的影响^[1]。由于临床检验目的不同,抽取的外周血包括抗凝血与凝血,当前提取外周血 DNA 多使用抗凝血(EDTA 或肝素抗凝)。而凝血块常在分离血清后被丢弃。我们知道,很多高校和研究机构并不能很方便的得到抗凝血,因此被丢弃的凝血也许成为 DNA 提取的重要来源。但是目前适用于凝血 DNA 提取的方法非常有限,最常用的即为蛋白酶 K 消化法^[2]。该方法需要将凝血块放于裂解液中,并且于 55℃-60℃ 的高温条件下至少处理 3 个小时,花

费时间较长,而且裂解液中含蛋白酶 K,在大样本提取时,则成本相对较高。目前,用于基因组 DNA 提取的 KI 法^[3]以其经济和快速的特点受到普遍欢迎。令人遗憾的是,该方法只适用于抗凝血而非凝血。因此,寻找一种经济的、快速且高质量提取外周凝血 DNA 的方法显得尤为重要。

1 材料与方法

1.1 仪器

Art-Micra D-8 型匀浆机(德国)、Sorval SuperT21 台式高速冷冻离心机(美国)、Bio-Rad 电泳仪(美国)、Bio-Rad SmartSpec3000 型分光光度计(美国)、Mj Research PTC-225 型 PCR 仪(美国)、凝胶成像系统(美国)

* 基金项目 国家自然科学基金项目(30700200) 江苏省自然科学基金(青年科技创新人才启动项目, BK2007599)

作者简介 许丽娟(1986-),女,硕士研究生,主要从事骨代谢机制研究。E-mail: xulijuan11@163.com

[△] 通讯作者 刘梅,副教授,硕士研究生导师, E-mail: meiliunj@163.com 或 liumei@njnu.edu.cn

(收稿日期: 2011-03-03 接受日期: 2011-03-30)

1.2 试剂

5 M 的 KI、0.9 %的氯化钠溶液、酚 / 氯仿 / 异戊醇、异丙醇、70 %乙醇、90 %乙醇、TE (10 mM TRIS-HCL,1 mM EDTA)、裂解液(360 μg/ml proteinase K, 150 mM NaCl 溶液, 50 mM EDTA, 2 % SDS)、NaCl 饱和溶液 (6 M)、DL2000 DNA Marker、DL15000 DNA Marker(TaKaRa)、琼脂糖、2xPfu PCR MasterMix (TIANGEN)、引物合成 (上海生工) 临床外周血样本 :样本来源于南京军区总医院, 包括 80 份凝血样本和 30 份抗凝血样本, -80 度冻存备用。

1.3 方法

1.3.1 外周凝血的匀浆 取 30 份冻存临床凝血标本, 设定时间梯度, 每份凝血标本都采用分次匀浆。具体步骤如下 :

本实验所用匀浆机为德国产 Art-Micra D-8 型匀浆机, 该匀浆机匀浆速度是固定的, 为 39000 rpm。故此, 本实验只需对匀浆时间进行摸索。设定匀浆时间梯度为 15 秒、30 秒、45 秒、60 秒。取凝血标本一份, 先匀浆 15 秒, 取出 500 μl 提取 DNA ; 然后再匀浆剩余的凝血 15 秒, 取出 500 μl 提取 DNA, 以此类推至匀浆 60 秒。匀浆液 DNA 的提取方法同 1.3.2 中 KI 法。

1.3.2 KI 法提取抗凝血基因组 DNA 每 500 μl 的抗凝血 (或本实验中的凝血匀浆液) 和 1000 μl 的无菌水, 混匀, 3000 rpm 离心 3 分钟, 可见管底有白色沉淀, 弃去上清, 沉淀加入 150 μl 5 M 的 KI, 用手将沉淀弹散后旋涡振荡 60 秒, 静置 2 分钟, 加 0.9 %氯化钠 550 μl、酚 / 氯仿 / 异戊醇 900 μl, 充分混匀, 静置 2 分钟, 等待分层, 10000 rpm 离心 5 分钟, 取上清, 将上清吸取至新的 1.5 ml 的 Eppendorf 管中 ; 再加入 400 μl 异丙醇, 充分混匀, 静置 2 分钟 ; 10000rpm 离心 5 分钟, 弃上清, 沉淀中加入 70 %乙醇 1000 μl ; 10000 rpm 离心 5 分钟, 弃乙醇, 37℃ 烘干, 加入 100 μl TE, 混匀, 室温溶解过夜。

1.3.3 蛋白酶 K 法提取凝血基因组 DNA 配制裂解液(配制方法见 1.2 试剂), 每 200 μl 的凝血加 250 μl 裂解液, 并保持在 55-60℃, 反应 3 个小时, 定时晃匀以防止血块凝集在管底, 加 150 μl 的饱和氯化钠溶液 (大约 6 M) 和 600 μl 的氯仿^[4], 并上

下颠倒以加快反应 (10 分钟) 离心 5000rpm 5 分钟, 取上清液转入一个新的 1.5 ml 的 Eppendorf 管中, 加入 800 μl, 90 %的乙醇, 离心 5000 rpm 5 分钟, 弃上清液, 并用 70 %的乙醇洗沉淀, 晾干乙醇后, 将沉淀溶于 100 μl 的 TE 中, 弹匀, 溶解过夜。

1.3.4 紫外吸收光谱测定 将提取的 DNA 样品用双蒸水稀释 200 倍, 用紫外分光光度计测定 260 nm 和 280 nm 处吸光值。根据 OD₂₆₀=1.0 时, DNA 的浓度为 50 ng/μl, 可以计算出所提 DNA 样品的浓度。而根据 OD₂₆₀/OD₂₈₀ 的比值 (OD₂₆₀/OD₂₈₀>1.8) 可以判断出 DNA 的纯度。

1.3.5 基因组 DNA 体外扩增 以不同方法提取的基因组 DNA 为模板进行 PCR 扩增, 扩增片段为亚甲基四氢叶酸还原酶基因 (methylenetetrahydrofolate reductase, MTHFR) 的一段, 预期长度为 198bp。根据文献^[5]设计引物如下 :forward 5'-TGAAGG-AGAAGGTGTCTGCGGGA-3' ;reverse 5'-AGGACGGTTCGGT-GAGAG TG-3'。PCR 反应体系 2 μl DNA 模板 ;1.5 μl 2xPfu PCR MasterMix ;1.5 μl forward Primers ;1.5 μl reverse Primers, 补加 ddH₂O 至总体积 25 μl。PCR 反应参数 95℃ 5 分钟, 然后 94℃ 1 分钟, 55℃ 1 分钟, 72℃ 1 分钟共 35 个循环, 最后 72℃ 10 分钟。

为进一步鉴定本法基因组 DNA 的提取质量, 本实验利用多重 PCR 对正常已育男性 Y 染色体长臂的无精症因子 (a-zoospermia factor, AZF) 区域的 6 个标签位点 (sequence tagged sites, STS) 进行了扩增。引物根据欧洲生殖协会推荐标准设计^[6] (表 1)。扩增分为两组进行, A 组包括两个内参序列 (即雄性性别决定基因 ZFY 和 SRY) 和三个标签序列 sY254、sY127、sY86 ; B 组包括两个同样的内参序列 (即 ZFY 和 SRY), 另外还有三个标签序列 sY134、sY84、sY255。模板为本法提取的基因组 DNA, 阴性对照为水。两组多重 PCR 反应体系相同, 如下 3 μl DNA 模板 ;1.5 μl 2xPfu PCR MasterMix ;2 μl Primers, 补加 ddH₂O 至总体积 25 μl。多重 PCR 反应条件 95℃ 5 分钟, 然后 95℃ 30 秒, 50℃ 30 秒, 72℃ 30 秒共 35 个循环, 最后 72℃ 10 分钟。

表 1 多重 PCR 引物
Table 1 Multiplex Primers

	多重引物	产物长度
	Multiplex Primers	Product length
A 组 3 个标签 Group A 3 tags	sY86-Forward Primer (上游引物)	320 bp
	5'---GTGACACAC AGACTATGCTTC---3'	
	sY86-Reverse Primer (下游引物)	
	5'---ACACACAGAGGGACAACCCT---3'	
	sY127-Forward Primer (上游引物)	274 bp
	5'---GGCTCACAA ACGAAAAGAAA---3'	
	sY127-Reverse Primer (下游引物)	
	5'---CTGCAGGCAGTAATAAGGGA---3'	
	sY254-Forward Primer (上游引物)	400 bp
	5'---GGGTGTTACCAGAAGGCAAA---3'	
	sY254-Reverse Primer (下游引物)	
	5'---GAACCGTATCTACCAAAGCAGC---3'	

B 组 3 个标签 Group B 3 tags	sY84-Forward Primer (上游引物)	326 bp
	5'---AGAAGGGTCTGAAAGCAGGT---3'	
	sY84-Reverse Primer (下游引物)	
	5'---GCCTACTACCTGGAGGCTTC---3'	
	sY134-Forward Primer (上游引物)	301 bp
	5'---GTCTGCCTCACCATAAAACG---3'	
	sY134-Reverse Primer (下游引物)	
	5'---ACCACTGCCAAAACCTTTCAA ---3'	
	sY255-Forward Primer (上游引物)	
	5'---GTTACAGGATTCGGCGTGAT---3'	
A and B 内参序列 A and B internal parametes sequence	sY255-Reverse Primer (下游引物)	126 bp
	5'---CTCGTCATGTGCAGCCAC---3'	
	ZFY-Forward Primer (上游引物)	
	5'---ACCRCTGTACTGACTGTGATTACAC---3'	
	ZFY-Reverse Primer (下游引物)	495 bp
	5'---GCACYTCTTTGGTATCYGAGAAAGT---3'	
	SRY- Forward Primer (上游引物)	472 bp
	5'---GAATATTCCCGCTCTCCGGA---3'	
	SRY- Reverse Primer (下游引物)	
	5'---GCTGGTGCTCCATTCTTGAG---3'	

2 结果

2.1 最佳匀浆时间的确定

本实验采用一般实验室都具备的，也是最简单的匀浆机 - 德国产 Art-Miccr D-8 型匀浆机，其匀浆速度固定，为 39000 rmp。

在 39000 rmp 的匀浆速度下，设定匀浆时间为 15 秒、30 秒、45 秒、60 秒，并分别进行基因组 DNA 的提取。琼脂糖凝胶电泳 (95V,30min) 表明，45 秒和 60 秒的匀浆时间过长，导致 DNA 链断裂，基因组 DNA 的完整性差 (图 1)。

匀浆时间为 15 秒和 30 秒的 DNA 电泳图谱显示，尽管不同个体之间存在差异，但匀浆 30 秒后提取的基因组 DNA 均有不同程度的弥散；匀浆 15 秒后提取的 DNA 主带最为明显，弥散程度小，表明 DNA 的完整性较好 (图 2)。由此我们认为：最佳匀浆时间为 15 秒。

39000 rmp,15 秒匀浆 30 份凝血标本，各取 500 μl 匀浆液利用 KI 法^[3]进行基因组 DNA 的提取，同时，采用经典的蛋白酶 K 消化法，对另外 30 份凝血标本加热裂解 3 小时并提取基因组 DNA。收集抗凝血标本 30 份，KI 法^[3]进行基因组 DNA 的提取 (样本量也是 500 u)。各取 3 份 DNA 样本进行电泳比较 (图3)，发现各基因组 DNA 条带大小一致，主带明显，用本法提取的基因组 DNA 其完整性与其他两种方法没有明显差异。

2.2 基因组 DNA 的提取效率和纯度

利用紫外分光光度计，我们对三种方法所提取的各 30 份基因组 DNA 进行了提取效率和纯度的比较。结果发现，就提取

效率而言，每毫升外周血平均得 DNA 本法(32 ± 1. 8)μg，蛋白酶 K 消化法 (33 ± 1. 6)μg,KI 法提取抗凝血 DNA (32± 2.1) μg。本法与另外两种方法相比，没有统计学差异(P > 0. 05)。就 DNA 的提取纯度而言，DNA A260/ A280 值 本法 1.82± 0.15，蛋白酶 K 消化法 (1.81 ± 0.16),KI 法提取抗凝血 (1.84± 0.11)。本法提取的 DNA 纯度分别与另外两种方法比较，也没有发现差异(P > 0. 05)。

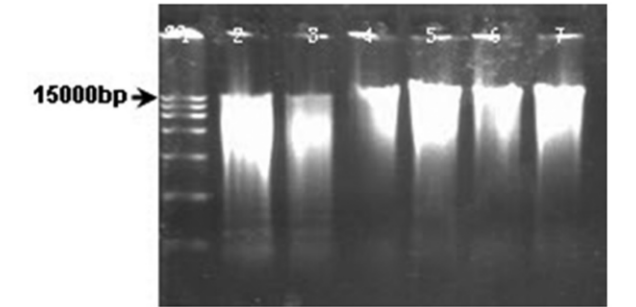


图 1 匀浆 45 秒、60 秒后提取的 DNA 电泳图
1 泳道为:15000bp DNA marker 2-3 泳道:同一份凝血匀浆 45 秒、60 秒后提取的 DNA 条带 4-5、6-7 泳道:另两人的 DNA 条带，匀浆时间梯度同 2、3

Fig.1 The electrophoretic results of genomic DNA was extracted by 45 seconds and 60 seconds homogenate
Lane1 :DNA marker of 15000bp Lane 2-3: The genomic DNA of one sample was extracted by 45 seconds and 60 seconds homogenate;Lane4-5、Lane6-7: The genomic DNA of another two samples were extracted by 45 seconds and 60 seconds homogenate

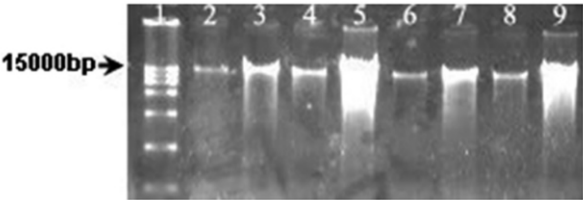


图2 匀浆 15 秒,30 秒后提取的 DNA 电泳图

1 泳道为 15000bp DNA marker;2-3 泳道:同一份凝血匀浆 15 秒,30 秒后提取的 DNA 条带;4-5、6-7 以及 8-9 泳道是另三份标本的 DNA 条带,匀浆时间梯度同 2、3

Fig.2 The electrophoretic results of genomic DNA was extracted by 15 seconds and 30 seconds homogenate

Lane1 :DNA marker of 15000bp Lane 2-3: The genomic DNA of one sample was extracted by 15 seconds and 30 seconds homogenate; Lane4-5、6-7 and 8-9 : The genomic DNA of another three samples were extracted by 15 seconds and 30 seconds homogenate

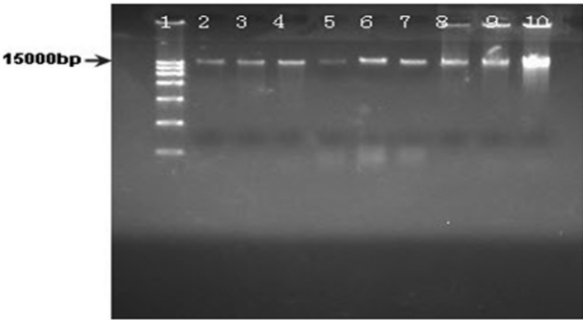


图3 不同方法提取的基因组 DNA 的电泳比较

1 泳道:15000bp 的 DNA marker;2-4 泳道:用本法提取的凝血 DNA;5-7 泳道:用 KI 法提取的抗凝血 DNA;8-10 泳道:用蛋白酶 K 法提取的凝血 DNA

Fig.3 Comparison of DNA extracted by different methods

Lane1 :DNA marker of 15000bp Lane 2-4:The genomic DNA was extracted from the coagulated blood by homogenate;Lane 5-7:The genomic DNA was extracted from anti-coagulated blood;Lane 8-10:The genomic DNA was extracted from non-anti-coagulated blood by Proteinase K digestion

2.3 基因组 DNA 体外扩增

为了了解和比较 DNA 的提取质量,我们各取 3 份样本进行了 PCR 扩增,电泳结果表明,本法扩增片段与与预计片段大小一致,扩增效果与另外两种方法相同(图 3)。

多重 PCR 即在一个反应管中进行多个片段的扩增,其对模板 DNA 的质量要求更高。为进一步鉴定 DNA 的质量,我们以本法提取的 DNA 为模板,扩增了正常已育男性 Yq11 AZF 区域的 6 个标签位点,PCR 反应发生于两个不同的反应管,每个反应管中除了两个内参序列 (ZFY 和 SRY) 外,还分别包括了 3 对不同的标签序列引物 (见表 1)。结果发现,每个反应管中都能成功扩增出 5 个片段,其长度与预期完成吻合,证明本法所提取的 DNA 模板质量很高。

3 讨论

临床上基因组 DNA 的提取多采用外周抗凝血^[7-9],为了减少血液用量,做到一血多用,目前关于凝血基因组 DNA 的提取

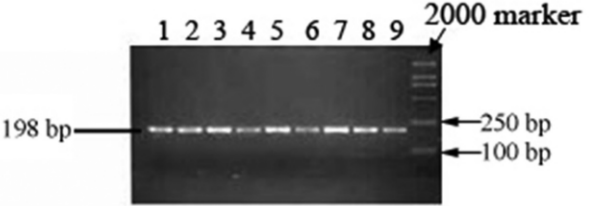


图4 单重 PCR 扩增 MTHFR 基因的 198bp 长的片段

1-5 泳道为匀浆法提取凝血 DNA 后 PCR 条带 6-9 为蛋白酶 K 消化法提取的凝血 DNA 后 PCR 条带

Fig.4 Single PCR: MTHFR contains 677 points amplified the 198bp fragment

Lane1-5 : The genomic DNA was extracted from the clotted blood by homogenate Lane 6-9: The genomic DNA was extracted from clotted blood by Proteinase K digestion

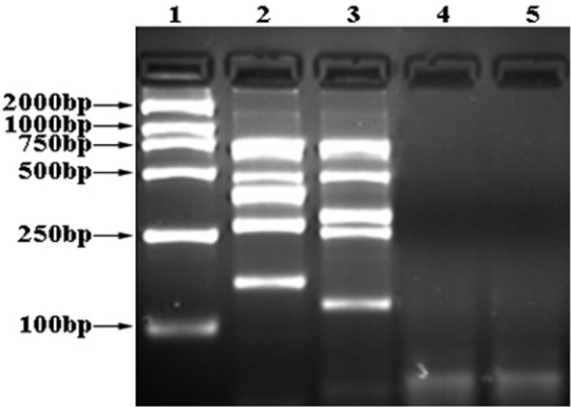


图5 多重 PCR 检测 Y 染色体微缺失

1 泳道 2000 bp DNA marker 2-3 泳道 匀浆法提取 DNA 后进行的 A 组和 B 组多重 PCR 扩增 4-5 泳道 没有加 DNA 模板的阴性对照

Fig.5 Multiplex PCR detection of Y chromosome microdeletions

Lane1 :DNA marker of 2000 bp Lane2-3 : The A group and B group multiplex PCR of The genomic DNA was extracted by homogenate; Lane4-5 : Negative control of no DNA template

方法也有报道^[10-12]。然而这些方法对于大样本量操作而言,大多存在耗时长、耗价高而且操作繁琐等问题。本实验将凝血块匀浆和适用于抗凝血的 KI 法进行了巧妙结合,通过实验条件的优化,发现在 39000 rpm,15 秒的匀浆条件下,利用 KI 法能够高质高量地对匀浆液进行基因组 DNA 的提取。这不仅突破了 KI 法只能提取抗凝血 DNA 的局限,仅需要半个小时便可完成,而且不需要添加蛋白酶 K,节省了成本,适合于批量临床标本的处理。在实验过程中,不需要特殊仪器,仅需一台匀浆机即可,即使最简单的匀速不可调节的匀浆机如本实验中所用的德国产 Art-Micra D-8 型匀浆机,也能满足实验需要。另外,本法无需新鲜样本 (本实验中凝血样本冻存均长达两年之久),对于当天不能处理的凝血块可进行冻存、累积,任何时间都可用此法处理提取 DNA。因此,本法为临床、科研、流行病学调查等提供了方便,是值得采纳的一种方法。

参考文献(References)

[1] 胡卫华,李铁臣,孙惠兰.冻存血与新鲜血的 DNA 抽提效果的比较

- 研究[J].皖南医学院报,2005,24(2):96-98
Hu Wei-hua, Li Gong-chen, Sun Hui-lan. Comparative study of the effect on extracted DNA between fresh and frozen whole blood [J]. Acta Academiae Medicinae Wannan, 2005, 24(2): 96-98
- [2] Kanai N, Fujii T, Saito K, et al. Rapid and simple method for preparation of genomic DNA from easily obtainable clotted blood [J]. J Clin Pathol, 1994, 47: 1043-1044
- [3] Pencz M, Soloweiwczyk D, Harpel B, et al. Construction of human genelibraries from small amounts of peripheral blood[J].Hemoglobin, 1982,6(1):27-36
- [4] Mullenbach R, Logoda PJL, Welter C. An efficient salt-chloroform extraction of DNA from blood and tissues [J]. Trends Genet, 1989,5: 391
- [5] Ebisch IM, van Heerde WL, Thomas CM, et al. C677T methylenetetrahydrofolate reductase polymorphism interferes with the effects of folic acid and zinc sulfate on sperm concentration [J].Fertil Steril, 2003,80:1190-1194
- [6] Simoni M, Bakker E, Krausz C. EAA/EMQN best practice guidelines for molecular diagnosis of y-chromosomal microdeletions State of the art 2004[J]. Int J Androl, 2004, 27(4): 240-249
- [7] 王龙武, 石柯, 彭爱红等, 一种快速微量外周血基因组 DNA 的提取方法[J].中国现代医学杂志, 2004, 14(2): 70-72
Wang Long-Wu, Shi Ke, Peng Ai-hong, et al. A rapid and simple method for extracting human genomic DNA from peripheral blood [J]. China Journal of Modern Medicine, 2004, 14(2): 70-72
- [8] 杨泽民, 罗少洪, 陈耕夫, 三种全血基因组 DNA 提取方法的比较 [J].中国实用医药, 2009, 4(12): 13-14
Yang Ze-min, Luo Shao-hong, Chen Geng-fu, Comparing the three methods to extract rat genomic DNA from whole blood [J]. China Practical Medical, 2009, 4(12): 13-14
- [9] 赵铁军, 韩瑞, 虞春华, 等. 三种全血基因组 DNA 提取方法的比较 [J].张家口医学院学报, 2003, 20(4): 46-47
Zhao Tie-jun, Han Rui, Yu Chun-hua, et al. Comparing the three methods to extract genomic DNA from whole blood [J]. Journal of Zhangjiakou Medical College, 2003, 20(4): 46-47
- [10] 李宏芬, 沈志霞, 刘志忠. 从凝血块中制备 DNA 技术[J].临床检验杂志, 2004, 22(3): 211-211
Li Hong-fen, Shen Zhi-xia, Liu Zhi-zhong. A technique for DNA extraction from clotted blood [J]. Chinese Journal of Clinical Laboratory Science, 2004, 22(3): 211-211
- [11] 何欣, 孙哲, 郭涛, 等. 血凝块 DNA 提取方法探讨[J].郑州大学学报, 2006, 41(1): 56-57
He Xin, Sun Zhe, Guo tao, et al. A novel method for DNA extraction from blood clot [J]. Journal of Zhengzhou University, 2006, 41(1): 56-57
- [12] 商亚丽, 解军, 程牛亮等, 从人血凝块中提取基因组 DNA[J].山西医科大学学报, 2006, 37(8): 881-882
Shang Ya-Li, Xie Jun, Cheng Niu-liang, et al. A method for DNA extraction from blood clots [J]. Journal of Shanxi Medical University, 2006, 37(8): 881-882

· 重要信息 ·

《分子影像学》第二版已正式出版发行

卜丽红¹ 戴薇薇²

(1 哈尔滨医科大学附属第四医院医学影像科 150001; 2 人民卫生出版社医药教育出版中心第四编辑室)

由哈尔滨医科大学附属第四医院申宝忠教授主编的《分子影像学》第二版(ISBN 978-7-117-13344-9/R·13345)一书已于 2010 年 9 月 14 日由人民卫生出版社出版发行。《分子影像学》是国内第一部分子影像学大型专著。对于分子影像学的基本概念、基本原理、基本方法 and 应用概况都有精彩而详细的论述,充分体现了国际分子影像学的最新进展。

《分子影像学》第二版由著名医学影像学家、中国工程院院士刘玉清教授和美国分子影像学专家、美国医学科学院院士 Sanjiv Sam Gambhir 教授亲自作序。编委会包括美国哈佛大学、斯坦福大学等国外知名院校 7 名专家作为国外编委,国内多家知名大学、研究中心学术带头人 13 名作为国内编委,还包括国内外共 40 名专家参与编写。

全书共计 130 余万字,收录图片 378 幅,共分基础篇和应用篇。

基础篇共分 10 章,主要介绍了分子影像学的发展简史,分子成像的相关概念、基本原理、基本技术和设备等,内容较第一版更为精准、完善,覆盖面更加宽泛。着重针对探针合成这一当前分子成像研究的技术瓶颈,纳入了材料学、生物学和化学等相关技术内容。

应用篇共分 7 章,着重介绍了分子影像学技术的最新进展和应用情况,并详细介绍了分子成像在肿瘤、中枢神经系统和心血管系统疾病诊断中的应用情况,重点阐述了分子成像在监测基因治疗、活体细胞示踪以及新药研发等方面的最新研究进展,并就分子影像学向临床转化所面临的问题进行了深入剖析。

本书内容系统详实,深入浅出,图文并茂,可读性强。可供医学影像学专业、临床专业学生使用,并可为临床各学科研究生、临床医师及其他相关生命科学的研究人员提供參考。

《分子影像学》精装本定价 260 元,全国各大书店有售。