

<<生物信息学>>

图书基本信息

书名：<<生物信息学>>

13位ISBN编号：9787030239310

10位ISBN编号：7030239318

出版时间：2009-1

出版时间：科学出版社

作者：张阳德

页数：448

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>

<<生物信息学>>

前言

21世纪是生命科学、新材料技术、信息技术突飞猛进的发展时期。

生物信息学作为跨越生命科学和信息科学两大热点领域的学科展现了它蓬勃的生命力。

生物信息学是包括生物信息的获取、处理、贮存、分发、分析与解释的所有方面的一门学科，它综合运用数学、计算机科学和生物学的各种工具，研究、了解大量的生物学意义，已成为整个生命科学发展的重要组成部分，特别是在“后基因组时代（post genome era）”，面对人类基因组计划所产生的庞大的分子生物学信息，生物信息学的重要性越来越突出，无疑将会为生命科学研究带来革命性的变革。

生物信息学是一门理论概念与实践应用并重的学科，在我国，生物信息学随着人类基因组研究的展开才起步，但已显露出蓬勃发展的势头，许多研究单位已经开始或准备开始从事这方面的研究工作。

张阳德编著的《生物信息学》，系统地阐述了生物信息学的理论、技术与方法，内容涉及生物信息学的发生、发展和前沿动态，反映了国内外该领域的最新进展。

它将成为生物信息学相关专业的本科生、研究生，以及广大生物学研究者的良师益友。

书中阐述的生物信息学的科学思维与方法，将对我国生物信息学领域专业人才的培养、训练提供很新的教学模式，可推进改变我国生物信息学专业人才匮乏的局面，该著作是生物信息学专业的一本很好的教材。

<<生物信息学>>

内容概要

本书在第一版基础上,结合生物信息学学科近年发展,更新、补充、调整相关知识。全书引用分析了大量国内外文献资料,全面、系统地介绍了生物信息学相关的概念、产生背景、发展历史、研究目标、国内外研究现状以及人类基因组计划和蛋白质组信息学等前沿课题,并对生物学数据库的建立、核酸序列分析技术、蛋白质结构预测和分子设计技术、生物信息学软件的开发与应用等内容作了系统阐述。

本书适合于基础医学、临床医学、生物科学、计算机科学等相关专业学生使用,也可为广大教学、科研人员参考使用。

作者简介

张阳德，临床医学外科学和生物医学工程学教授、博士研究生导师，注重理工医多学科结合，研发临床医学新项目。

人生以勤谨创新、至诚求实、厚德助人为准则。

毕业于湖南医科大学，20世纪80年代后期获奖赴美国学习。

1987年国际首创“经胆道镜下微爆破碎肝胆管内嵌顿结石临床应用”，1988年国内外领先研制“结肠镜下激光诱导结肠早癌自体荧光诊断仪”，并分别于1991年和2002年获湖南省科技进步一等奖，2004年获中国青年科技奖，2005年获全国优秀科技工作者称号。

1994年从事“磁纳米粒白蛋白阿霉素治疗晚期肝癌”研究为世界领先。

1990年在美国将PCR技术较早介绍到中国，编著了《聚合酶链反应技术及原理》一书，并研制了“风冷灯热式PCR仪”推广应用。

1997年开展了我国首例肝隔离灌注治疗手术不可切除的晚期肝癌。

2001年底成功进行了合并多器官功能不全的肝功能衰竭病人的背驮式肝移植。

为使中国内镜医师与国际接轨，建议建立“中国医师协会内镜医师分会”，历经三年论证，2004年12月2日获国家主管部门批准成立并负责组建。

作为课题负责人，已完成国家“九五”科技攻关重点课题、美国国家卫生研究院（NIH）课题、国家“863”计划课题等重大科研课题39项，其中国内国际首创6项。

目前承担国家“十五”科技攻关重点课题、国家十五“863”计划课题等重大科研课题10项，正在进行纳米磁性颗粒与内生场热疗结合治疗实体肿瘤的研究，处于国际领先水平。

<<生物信息学>>

书籍目录

序一序二前言第一章 概论1.1 生物信息学产生的背景1.2 人类基因组计划1.3 什么是生物信息学1.4 生物信息学的研究目标和内容1.5 生物信息学的发展1.6 生物信息学研究方法的新进展1.7 国内外生物信息学研究现状1.8 生物信息学的主要意义和展望1.9 生物信息学与生物实验的关系主要参考文献第二章 生物学基础2.1 生命起源和分子进化2.2 生物的分类2.3 核酸2.4 蛋白质2.5 染色体和基因2.6 中心法则2.7 基因工程技术简介主要参考文献第三章 生物信息数据库及其信息检索3.1 生物信息数据库的类型3.2 序列数据库3.3 结构数据库3.4 生物数据库的信息检索3.5 向数据库提交数据主要参考文献第四章 序列比对与算法4.1 序列两两比对4.2 多序列比对4.2.1 多序列比对程序CLUSTALW4.2.2 tree_based算法和iterative算法4.2.3 中心算法4.3 序列分析算法4.3.1 动态规划算法4.3.2 隐马尔可夫模型4.3.3 神经网络4.3.4 基因表达调控网络4.4 分子进化：系统树发育分析4.4.1 分子钟与中性理论4.4.2 进化树4.4.3 进化树的分析步骤4.4.4 相关软件使用简介主要参考文献第五章 核酸序列分析5.1 DNA序列分析的意义5.2 基因结构5.3 序列翻译与ORF预测5.4 核酸序列分析框架5.5 基因识别的两种途径5.6 数据库搜索5.7 生物信息学软件5.7.1 商业软件包5.7.2 基于WEB的免费软件包5.8 新测定DNA序列的分析实例5.8.1 框架5.8.2 功能性位点 (Pattern或Motif) 搜索5.8.3 编码区的确定5.8.4 核酸分子的立体结构主要参考文献第六章 蛋白质结构预测和分子设计6.1 蛋白质结构预测6.1.1 预测蛋白质的物理性质6.1.2 从氨基酸组成辨识蛋白质6.1.3 蛋白质二级结构预测6.1.4 其他特殊局部结构预测6.1.5 蛋白质的三维结构预测6.2 蛋白质工程分子设计简介6.2.1 分子设计的基本条件6.2.2 分子设计的基本方法6.2.3 基于遗传算法的分子设计6.3 蛋白质结构预测和分子设计的研究进展主要参考文献第七章 基因组信息学7.1 概论7.1.1 问题的提出7.1.2 发展历程7.1.3 HGP的意义7.2 参与基因组计划的机构7.2.1 国际机构7.2.2 其他研究机构7.3 图谱7.3.1 遗传图谱7.3.2 物理图谱7.3.3 序列图谱7.3.4 基因图谱7.4 测序7.5 基因组序列信息分析工具7.5.1 Wisconsin软件包7.5.2 ACEDB7.5.3 其他工具7.6 人类基因组信息数据库7.6.1 NCBI Entrez的染色体图谱7.6.2 GDB的染色体图谱7.7 生物信息学在基因组研究中的应用7.7.1 当前主要研究内容7.7.2 生物信息学在基因组研究中的发展趋势7.7.3 生物信息学的发展展望7.8 后基因组计划7.9 基因组信息学的研究进展主要参考文献第八章 蛋白质组信息学8.1 蛋白质组学简介8.1.1 蛋白质组学的概念8.1.2 蛋白质组研究的理论基础8.1.3 蛋白质组研究的技术路线8.2 蛋白质组信息学8.3 蛋白质组分析的内容和方法8.4 蛋白质组信息学相关资源8.5 蛋白质组学的应用及前景8.6 蛋白质组学研究中的常见问题8.7 化学蛋白质组学8.7.1 化学蛋白质组学的概念8.7.2 化学蛋白质组学研究内容、相关技术及应用8.7.3 化学蛋白质组学的展望主要参考文献第九章 生物信息学前沿9.1 生物芯片技术9.1.1 生物芯片简介9.1.2 与生物芯片相关的技术9.1.3 生物芯片数据分析9.1.4 生物芯片数据分析的展望9.2 药物设计与生物信息学9.2.1 药物基因组学9.2.2 药物蛋白质组学9.2.3 生物信息学、基因组学和蛋白质组学与药物设计9.2.4 计算机辅助药物设计9.2.5 药物设计实例9.3 基因诊断与治疗9.3.1 基因诊断9.3.2 基因治疗9.4 虚拟细胞——人工生命的模型9.4.1 虚拟细胞的构建9.4.2 虚拟细胞的模型9.4.3 虚拟细胞特点9.4.4 虚拟细胞相关的学科领域9.4.5 研究虚拟细胞的意义主要参考文献附录一 生物信息学相关数据库附录二 生物信息学重要软件简介附录三 生物信息学名词解释附录四 习题编著者简介

章节摘录

第一章 概论 1.1 生物信息学产生的背景 诺贝尔生理学或医学奖得主R.Dulbecco 1986年3月在Science上发表文章《癌症研究的转折点：测序人类基因组》，认为要彻底阐明癌症的发生、演进、侵袭和转移的机制，必须对人体细胞的基因组进行全测序。

经过3年多的讨论，美国政府于1990年10月正式启动一项耗资30亿美元的15年计划，预期到2005年完成人类基因组大约30亿个碱基的全序列测定，这就是被称为生命科学“登月计划”的人类基因组计划（Human Genome Project, HGP）。

到2006年5月28日，英美科学家宣布完成了人类1号染色体的基因测序图，这标志着历时16年的人类基因组计划的完成。

HGP的主要任务是：人类基因组以及一些模式生物体（细菌、酵母、线虫、果蝇等）基因组的作图、测序和基因识别。

该计划一经提出，很快扩展成为世界范围的研究计划，并以惊人的速度前进。

经过美、英、日、法、德和中国科学家的共同努力，至2000年6月26日完成了工作草图；至2003年4月14日宣布人类基因组序列图绘制成功，人类基因组计划的所有目标全部实现。

这是人类科学史上又一个里程碑式的事件，它预示着完成人类基因组计划已经指日可待。

生物信息最基本的表达形式是一维的分子排列顺序，即序列，包括核酸序列和氨基酸序列。

其中，最基本的仍是DNA序列。

截至2004年为止，仅登录在美国GenBank数据库中的DNA序列总量已超过44 575 745 176碱基对。

基于CDNA序列测定所建立起来EST数据库的记录也已达数百万条。

在这些数据的基础上派生、整理出来的数据库已达500余个。

与其同步的蛋白质的一级结构，即氨基酸序列也飞速增长。

除此之外，还有对蛋白质高级结构的分析，迄今，已有几万种蛋白质的空间结构以不同的分辨率被测定。

这一切构成了一个生物学数据的海洋。

这种科学数据巨大的积累规模，在人类的科学研究历史中是空前的。

<<生物信息学>>

编辑推荐

适合于基础医学、临床医学、生物科学、计算机科学等相关专业学生使用，也可为广大教学、科研人员参考使用。

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>