

<<免疫信息学>>

图书基本信息

书名：<<免疫信息学>>

13位ISBN编号：9787030262707

10位ISBN编号：7030262700

出版时间：2010-1

出版时间：科学出版社

作者：D.R.弗劳尔 编

页数：279

译者：吴玉章

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>

<<免疫信息学>>

前言

本书阐述的是免疫信息学相关内容及其在免疫原性预测中日益重要的作用。所谓免疫原性，即当病原体暴露于免疫系统监视下时，诱导特异性免疫应答的能力。免疫信息学是将基于计算机科学的信息技术应用于免疫系统中分子之间相互作用的一门学科，近年来，免疫信息学在科学前沿领域和实际应用方面的发展为世人瞩目，除用于免疫原性的预测之外，还可参与解决免疫学的几乎所有问题。尽管许多人对免疫信息学在疫苗发现和研究中的实际应用尚存疑问，但能理解并充分利用其潜能的人已将该方法视为一种重要工具。

《免疫信息学——计算机辅助预测免疫原性》一书是渴望紧跟此新兴技术者的入门读物。本书并不打算无所不包，而是重点关注免疫信息学中的重要领域，试图让读者对免疫信息学的地位及其发展趋势有所了解。我们希望本书不仅能吸引读者，而且可为免疫信息学在免疫学和疫苗学中的应用提供深厚的背景知识。

由于系统生物学正高速发展并影响着其他领域，毫无疑问，生物科学包括免疫学的未来必然属于那些有能力将生物科学的实验和理论紧密结合的人，因为他们能一直轻松地将实验技术和计算科学相结合。

作为一门交叉学科，免疫信息学要取得支配地位尚需时日，但这天终将到来，正如那些身穿白大褂、只知道手持吸液管反对自动化的勒德分子（Luddite）和只会傻瞪着电脑屏幕的笨拙的人最后都将被时代抛弃。

科学研究作为一个整体，应当尽可能全身心地接受免疫信息学带来的变化。相信假以时日，人们对免疫信息学的怀疑和排斥就将消除，因此，翻开《免疫信息学——计算机辅助预测免疫原性》这本书吧，获取其中的智慧，品味其中的精华，收集深刻的见解，同时忘记其中诸多的瑕疵、矛盾、缺点及遗漏，铭记最重要的是从中学习并尽量享受学习的乐趣。

<<免疫信息学>>

内容概要

随着基因组学、计算机技术以及免疫学的快速发展，免疫信息学已经成为一个新兴的且逐步完善的研究领域。

免疫信息学分析就是利用免疫学的规律，对免疫学实验结果进行预测，再通过有效的免疫学实验进行验证，从而大幅度地减少免疫学研究的工作量，节约研究成本，促进现代免疫学的发展。

本书系统介绍了免疫信息学的概念、产生和发展、相关数据库、研究方法及其应用等，特别着重于抗原性的预测、分析和计算机辅助疫苗设计，并介绍了一些复杂软件的使用方法，因此理论性和实用性都很强。

本书定位于免疫信息学初学者，尤其适合本科生、研究生，对于免疫学研究工作者也有很大的参考价值。

<<免疫信息学>>

书籍目录

译者序 前言 1 免疫信息学与计算机辅助预测免疫原性：导论 第1部分 数据库 2 国际免疫遗传学信息系统(1MGT) 3 IMGT / HLA数据库 4 免疫多态性数据库：IPD 5 T细胞表位查询和预测数据库：SYFPEITHI 6 T细胞表位、MHC结合肽和TAP结合肽的搜寻及描图 7 Bcipep数据库中B细胞表位的搜寻及描图 8 半抗原、载体蛋白和抗半抗原抗体的检索 第2部分 HLA超型鉴定 9 基于GRID / CPCA和层次聚类法的HLA超型分类 10 HLA-A2超型的结构基础 11 基于MHC结合肽库定义MHC超型 12 基于肽结合凹槽静电分布图的HLA-I类等位基因分型 第3部分 肽与MHC结合能力的预测 13 特征参数法预测MHC结合肽 14 机器学习技术预测MHC结合肽 15 人工智能方法预测T细胞表位 16 小鼠MHC-多肽亲和力的预测 17 3D-QSAR模型预测MHC-多肽亲和力 18 基于MHC分子模型预测表位肽 19 基于支持向量机预测MHC结合肽 20 应用SVRMHC方法预测多肽与MHC分子的结合亲和力 21 基于结构及分子模拟预测HLA结合肽 22 基于结构预测MHC结合肽操作指南 23 MHC-I及MHC-II与肽结合的静态能分析 24 分子动力学模拟 25 一种预测MHC-II类分子结合肽的迭代方法 26 MHC-II类分子结合肽综合预测方法 27 基于贝叶斯神经网络的MHC-II类分子-肽复合物非线性预测模型 第4部分 免疫系统其他特性的预测 28 TAPPred法预测抗原中的TAP结合肽 29 B细胞表位的预测方法 30 一种MHC分子结构功官皂相似性分析平台：HistoCheck 31 免疫相关性毒力因子的预测 索引 彩图

章节摘录

关于免疫原性的许多问题依然存在：导致免疫原性的内在分子机制是什么？对于细胞免疫，表位免疫原性是由多肽和MHC结合的半衰期（解离率）决定，还是由MI-(C-多肽结合亲和力决定？与抗原提呈细胞表面的MHC多肽数量有关，还是由形成的免疫突触的持续作用决定？需要强调的是，免疫原性并不是单由肽与MHC分子的结合发挥功能，而是由机体识别的一系列信号构成，多肽只是其中之一。肽的结合是必要的，但并不是唯一的。

一段时间以来，数据库成了生物信息学的通用语言。虽然生物相关信息的数据库的数据类型可能改变，但是数据库的使用、构建和操作都反映了生物信息学的同一特征，免疫信息学的数据库也具有同样的特征，这些在其对后基因组生物科学的支持可以得到证实。

21世纪，免疫学进入信息经济时代，数据库中的数据得以广泛传播。

以上所述，虽然对免疫学数据库没有特别新的东西，但是免疫信息学的深入发展显示了生物信息学在免疫学中的应用开始扩展和成熟。

例如，IMGT数据库（将在第2-4章描述）已关注免疫重要相关大分子的序列分析很多年了。定位于表位功能或者以记录表位MHC分子亲和力为主的数据库相对较新，但也已初具规模。

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>