第一图书网, tushu007.com

<<现代生命科学进展>>

图书基本信息

书名：<<现代生命科学进展>>

13位ISBN编号：9787560254562

10位ISBN编号：756025456X

出版时间：2008-07-01

出版时间：东北师范大学出版社

作者：王丽 等 著

页数：228

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

内容概要

生物学是研究生物体复杂结构、生理生化代谢和运动变化规律的一门科学。
现代生物学正从群体、个体、细胞和分子的不同层次和多个侧面对生物体进行系统的研究。
由于现代生物学的快速发展，其在自然科学中的地位变得越来越重要，已经成为21世纪发展最快、应用最广、潜力最大的科学研究领域之一。
《现代生命科学进展》的编写目的是将现代生物学的前沿知识以专题的形式介绍给读者。
内容不仅包括了对近些年来发展迅速的学科的介绍，如基因组学、分子生态学、神经生物学、糖生物学、生物信息学、蛋白质组及蛋白质组学、发育生物学、免疫分子生物学，还涉及了现代生物学研究的热点领域，如表观遗传学，癌基因与抑癌基因，干细胞和组织工程，等等。
参加专题写作的教师不仅具有丰富的教学经验，还拥有从事该领域研究的经历。
专题作者如下：王丽（第一专题“基因组学”）、庞劲松和刘宝（第二专题“表观遗传学”）、杨允菲（第三专题“分子生态学”）、周义发（第四专题“糖生物学概论”）、庞劲松（第五专题“生物信息学”）、王桂云（第六专题“蛋白质组及蛋白质组学”）、胡健（第七专题“发育生物学”）、鲍永利（第八专题“抗体工程”）、杨琼（第九专题“癌基因与抑癌基因”）、朱筱娟（第十专题“干细胞与组织工程”）。
由于现代生物学发展迅速及编写的时间有限，书中的错误和问题在所难免，敬请读者及时指出，以便修正。

作者简介

王丽，博士.教授.博士生导师。
1993年毕业于东北师范大学生物系，获理学博士学位。
曾在英国剑桥大学生物化学系和美国哈佛大学医学院进行科学研究工作。
现为东北师范大学生命科学学院院长。
曾获宝钢教育奖优秀教师、吉林省第六批有突出贡献的中青年专家、吉林省优秀专利发明人、高等学校省级教学名师等荣誉称号。
王丽教授主要从事肿瘤细胞生物学和植物分子生物学研究工作。
在国内外学术刊物上发表研究论文100余篇.参编国际学术专著2部，主持国家自然科学基金等科研项目20余项。
获得国家发明专利3项、实用新型专利1项。
获得省部级科学技术奖等奖励5项。
培育香雪兰花卉新品种4个。
王丽教授一直承担本科生和研究生的课程多门，主持和参加教改项目10余项.主编和参编教材4部，获省级教学成果特等奖等奖项7项。

书籍目录

第一专题 基因组学1.1 生物的基因组1.1.1 真核生物基因组1.1.2 原核生物基因组1.2 结构基因组学1.2.1 人类基因组计划的概述1.2.2 人类基因组研究的主要内容1.3 功能基因组学1.3.1 基因组的表达及其调控1.3.2 基因组多样性的研究l_3.3 模式生物体基因组研究1.4 比较基因组学1.4.1 基因共线性1.4.2 直系同源集簇1.4.3 基因岛和基因协同进化1.5 基因组学研究展望1.5.1 基因组学与生物学1.5.2 基因组学与健康1.5.3 基因组学与社会1.5.4 热点研究领域思考题参考文献第二专题 表观遗传学2.1 表观遗传学的概念、内容和研究方法2.1.1 什么是表观遗传学2.1.2 表观遗传学改变对生物体表型的影响2.1.3 表观遗传学研究方法2.2 表观遗传学的发生机制2.2.1 DNA甲基化2.2.2 组蛋白修饰2.2.3 染色质重塑2.3 表观遗传学的作用方式2.3.1 基因组印迹2.3.2 基因沉默2.3.3 RNA干扰2.3.4 组蛋白密码2.4 表观遗传学与人类疾病2.4.1 表观遗传变异对免疫系统的影响2.4.2 表观遗传变异与细胞癌变2.5 表观遗传变异与基因组进化2.5.1 DNA甲基化与基因组稳定性2.5.2 表观遗传学变异与植物远源杂种和异源多倍体物种形成2.6 表观遗传学分子生物学软件--DNA甲基化分析工具专题2.6.1 基于引物设计功能的软件2.6.2 CpG岛序列分析软件2.6.3 CpG位点甲基化状态作图软件思考题参考文献第三专题 分子生态学3.1 分子生态学概述3.1.1 分子生态学概念的提出3.1.2 分子生态学的特点和应用前景3.1.3 分子生态学的发展前提与条件3.2 分子生态学的几个重要领域3.2.1 遗传分子生态学3.2.2 病毒分子生态学3.2.3 免疫分子生态学……第四专题 糖生物学概论第五专题 生物信息学第六专题 蛋白质组及蛋白质组学第七专题 发育生物学第八专题 抗体工程第九专题 癌基因与仰癌基因学第十专题 干细胞与组织工程

章节摘录

1.3.3模式生物体基因组研究在人类基因组的研究中，模式生物体的研究占有极其重要的地位。
尽管模式生物体的基因组的结构相对简单，但是它们的核心细胞发育过程和生化通路在很大程度上是保守的。
这项研究的意义是：有助于发展和检验新的相关技术，如大规模测序、大规模表达谱检验、大规模功能筛选等；通过比较和鉴定，能够了解基因组的进化，从而加速对人类基因组结构和功能的了解；模式生物体间的比较研究，为阐明基因表达机制提供了重要的线索。
目前对于基因组总体结构组成方面的知识，主要来源于模式生物体的基因组序列分析。
通过对不同物种间基因调控序列的计算机分析，已发现了一定比例的保守性核心调控序列，根据这些序列建立的表达模式数据库对破译基因调控网络提供了必要的条件。
识别基因功能最有效的方法，可能是观察基因表达被阻断后在细胞和整体所产生的表型变化。
在这方面，基因剔除方法（knock-out）是一项特别有用的工具。
目前，国际上已开展了对酵母、线虫和果蝇的大规模功能基因组学研究，其中进展最快的是酵母。
欧共体为此专门建立了一个名为EU-RoFAN（EuropeanFunctionalAnalysisNetwork）的研究网络。
美国、加拿大和日本也启动了类似的计划。
随着线虫和果蝇基因组测序的完成，将来也可能开展对这两种生物的类似性研究。
一些突变株系和技术体系建立后，不仅能够成为研究单基因功能的有效手段，而且为研究基因冗余性和基因间的相互作用等深层次问题奠定了基础。
小鼠作为哺乳动物中的代表性模式生物，在功能基因组学的研究中具有特殊的地位。
同源重组技术可以破坏小鼠的任何一个基因，这种方法的缺点是费用高。
利用点突变、缺失突变和插入突变造成的随机突变是另一个可能的途径。
对于人体细胞而言，建立反义寡核苷酸和酶瞬间阻断基因表达的体系可能更加合适。
蛋白质水平的剔除术也许是说明基因功能最有力的手段。
利用组合化学方法有望生产出化学剔除试剂，用于激活或失活各种蛋白质。
总之，模式生物体的基因组计划为人类基因组的研究提供了大量的信息。
今后，模式生物体的研究方向是建立将人类基因组8～10万个编码基因的大部分转化为已知生化功能的多成分核心机制。
而要获得每一种人类进化保守性核心机制的精细途径，以及它们的紊乱导致疾病的各种途径的知识，将只能来自对人类自身的研究。

第一图书网, tushu007.com

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