

系统生物学



[系统生物学_下载链接1](#)

著者:张自立//王振英

出版者:科学

出版时间:2009-7

装帧:

isbn:9787030249845

《系统生物学》：系统生物学是现代生物学新兴分支学科之一。它整合了各层面的生物信息数据，建立各种数学模型进行仿真实验，进而定量阐明和预测生物功能、表型及行为，它已成为当今生命科学的重大前沿领域之一。《系统生物学》概述了系统生物学的基本概念和基本内容，介绍了基因组学、转录组学、蛋白质组学、糖组学、代谢物组学、相互作用组学、表型组学、数学建模与仿真、序列比对与数据库搜索、分子进化模型与系统树的构建等。

作者介绍:

目录: 前言第1章 系统生物学概况 1.1 从分子生物学到系统生物学 1.1.1 分子生物学的诞生及发展 1.1.2 “基因决定论”和“还原论”的局限性 1.1.3 转向整体论新潮流 1.1.4 系统生物学的产生和发展 1.2 系统生物学的定义和研究内容 1.2.1 系统生物学的定义 1.2.2 系统生物学的研究内容 1.3 系统生物学的研究 1.3.1 系统生物学的基本工作流程 1.3.2 系统生物学的研究方法 1.4 系统生物学的应用前景 主要参考文献第2章 基因组学 2.1 基因组学的提出及其任务 2.2 人类基因组计划 2.2.1 人类基因组计划的研究目标及技术路线 2.2.2 人类基因组计划的作图 2.2.3 人类基因组计划的测序 2.2.4 人类基因组计划的信息处理 2.2.5 人类基因组研究计划进展 2.3 基因组学及其分支学科 2.3.1 功能基因组学 2.3.2 比较基因组学 2.3.3 药物基因组学 主要参考文献第3章 转录组学 3.1 转录组及转录组学 3.1.1 转录组及转录组学的定义 3.1.2 转录组学的研究内容 3.2 转录组学的研究方法 3.2.1 高通量mRNA表达分析技术 3.2.2 基因表达系列分析技术 3.2.3 转录物编目的研究方法 3.2.4 绘制动态转录物图的研究方法 3.2.5 转录物调节网络 3.3 对转录物研究的新突破 3.3.1 转录物的多样性 3.3.2 非编码RNA的类型和功能 主要参考文献第4章 蛋白质组学 4.1 蛋白质组学的产生 4.2 蛋白质组及蛋白质组学的概念 4.3 双向凝胶电泳 4.3.1 双向凝胶电泳(2-DE)原理 4.3.2 图像分析与数据库构建 4.4 生物质谱技术 4.4.1 种类及其原理 4.4.2 肽质量指纹谱鉴定技术(PMF) 4.4.3 肽序列标签串联质谱技术(PST) 4.4.4 翻译后修饰蛋白质的鉴定 4.5 蛋白质组数据库 4.6 蛋白质芯片技术 4.6.1 蛋白质芯片的制备 4.6.2 靶蛋白与捕捉分子结合情况检测 4.7 分析蛋白质—蛋白质相互作用的酵母双杂交系统 4.7.1 酵母双杂交系统的基本原理 4.7.2 酵母双杂交系统的改进 4.8 蛋白质组研究进展 4.8.1 病毒蛋白质组研究 4.8.2 细菌蛋白质组研究 4.8.3 酿酒酵母蛋白质组研究 4.8.4 多细胞生物蛋白质组研究 主要参考文献第5章 糖组学 5.1 糖组与糖组学的研究内容 5.2 糖组学在生命科学中的意义 5.2.1 蛋白质组学必须面对糖蛋白 5.2.2 糖蛋白的定义 5.2.3 聚糖和糖蛋白的生物学作用 5.3 糖组学的研究方法 5.3.1 对2-DE分离糖蛋白结合质谱技术的改进 5.3.2 聚糖分子的微阵列技术 5.3.3 用敲除基因及转基因技术研究聚糖分子引起的表型变化 5.4 糖组学的国际合作和数据库 主要参考文献第6章 代谢物组学 6.1 代谢物组学的定义和研究任务 6.1.1 代谢物组学的定义 6.1.2 代谢物组学的研究任务 6.2 研究代谢物组学的意义 6.2.1 代谢物组学是基因组学和蛋白质组学的补足 6.2.2 代谢物组学在医药界的应用 6.3 代谢物组学的研究方法 6.3.1 代谢物组的研究技术及其原理 6.3.2 用于代谢物组研究技术的比较 6.3.3 代谢物组分析的技术路线 6.4 代谢网络的研究 6.4.1 代谢网络的结构特征 6.4.2 用“整合”与“干扰”研究代谢网络 主要参考文献第7章 相互作用组学 7.1 相互作用组学的研究方法 7.1.1 大规模蛋白质-蛋白质相互作用研究技术 7.1.2 大规模遗传学相互作用研究技术 7.2 蛋白质相互作用网络 7.2.1 丙型肝炎病毒(HCV)的蛋白质相互作用 7.2.2 病原菌幽门螺杆菌的蛋白质相互作用 7.2.3 酵母的蛋白质-蛋白质相互作用网络 7.2.4 果蝇的蛋白质-蛋白质相互作用网络 7.2.5 线虫的蛋白质-蛋白质相互作用网络 7.2.6 人类的蛋白质-蛋白质相互作用网络 主要参考文献第8章 表型组学 8.1 什么是表型组学 8.1.1 基因型与环境的相关及互作 8.1.2 表型和表型组学 8.2 从基因组到表型组系统研究的方法 8.2.1 从大肠杆菌和酵母代谢缺失菌株预测生长表型 8.2.2 建立一种人类表型组——基因组的网络联系 8.2.3 微阵列技术在人类表型组、基因组和环境组系统研究中的应用 8.3

从基因组到表型组研究有关的数据库 主要参考文献第9章 数学建模和仿真的基础知识
9.1 系统模型 9.1.1 什么是系统 9.1.2 什么是模型 9.1.3
生物系统中生化反应网络的数学描述 9.1.4 生物系统中的质量作用动力学模型 9.1.5
生物系统中有关细胞信号转导的建模 9.2 系统仿真 9.2.1 什么是系统仿真 9.2.2
系统仿真软件和相关数据库 9.2.3 系统生物学采用仿真技术的实用成果 9.3
实例：微生物细胞的建模与仿真 9.3.1 微生物数学模型的种类 9.3.2 微生物细胞的建模
9.3.3 用于微生物细胞模型的仿真平台 主要参考文献第10章 序列比对和数据库搜索 10.1
数据库中序列表示的格式 10.1.1 FASTA(或Pearson)格式举例 10.1.2 GenBank
flatfile格式举例 10.2 序列比对 10.3 网络比对 10.3.1 成对网络比对研究 10.3.2
网络对位排列的算法 10.4 数据库中序列相似性检索 10.4.1 FASTA程序 10.4.2 BLAST程序
10.5 用隐马尔可夫模型预测新基因 10.5.1 隐马尔可夫模型 10.5.2
用隐马尔可夫模型预测新基因的举例 10.6 用人工神经网络预测蛋白质二级结构 10.6.1
简单神经网络模型 10.6.2 多层神经网络模型 主要参考文献第11章
分子进化模型与系统树的构建 11.1 蛋白质编码序列进化 11.1.1
血红蛋白 α 链的进化距离和氨基酸替代率的估计” 11.1.2 氨基酸的替代矩阵 11.2
DNA序列的进化 11.2.1 核苷酸替代数的估计 11.2.2 Kimura模型 11.3 系统树的构建
11.3.1 距离法 11.3.2 最大简约法 11.3.3 最大似然法 11.3.4 分子系统树的检验 11.3.5
对分子系统树的争议 11.4 分子系统发育软件 主要参考文献
• • • • • ([收起](#))

[系统生物学_下载链接1](#)

标签

生物学

比较差的书

binf

Biology

评论

[系统生物学_下载链接1](#)

书评

[系统生物学 下载链接1](#)