

<<结构生物信息学>>

图书基本信息

书名：<<结构生物信息学>>

13位ISBN编号：9787122031808

10位ISBN编号：7122031802

出版时间：2009-3

出版时间：化学工业出版社

作者：（美）波恩，（美）魏西希 编，刘振明 等译

页数：453

字数：779000

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>

## &lt;&lt;结构生物信息学&gt;&gt;

## 前言

结构生物学和信息学研究领域的快速发展值得我们高度重视。这些领域的发展不仅引起了传统实验室生物学家的兴趣，而且还吸引了包括政治家、世界各国政府和工业界在内的目光。

这个领域给予年轻科学家的研究和工作机会超过了研究成果产生的步伐，呈现出一种非典型但精彩纷呈的境况。

确实，对于今天正在接受这个领域教育和训练的人们而言，所面对的机会实际上是无可限量的。这种机会和优势集中体现在结构生物学与信息学的相互交叉与融合，这本书的出版是如此的及时，可以引导我们进入一个新的研究领域。

在提供结构生物信息学第一本著作的工作方面，Philip E. Bourne和Helge weissig分别针对他们各自研究领域的问题，作为最主要的权威研究者做出了各自应有的贡献。

这本书完全抓住了生物发现研究中的突破口，或者说生命科学的前沿问题。

这些处在计算科学和生物学之间的前沿问题自身反映了几十年来在两个研究领域发生的重大进步和变革性进展。

事实上，经过若干年的发展，这些研究领域自身就会逐渐地成熟起来，并反过来为自身领域的发展产生更为重大的作用和意义。

然而，在过去的最后十年里，由各国政府支持和提供的科研基金并没有在生物信息系统方面发挥应有的作用；与之相类似的是，由于缺乏进行数据整合和生物学建模的工具和手段，在更为深入的系统水平对生物学认知研究的脚步无法跟上技术发展和变革的步伐，从而导致这些技术虽然增强了基于试验的发现能力以及数据的收集能力，但却无法增强更高层次的整合，进而到达生物系统学的层面。

今天，伴随着不断增加的经费支持机会以及来自实验科学领域的关注，我们已经走到了根本性转变的十字路口，就像这本书直接呼吁和强调的那样，要将信息科学技术和定量化的方法同时应用在基础和应用生命科学的研究中！

早期的几代生物信息科学的先行者和实践者，他们当中的绝大多数是来自于物理科学和工程学研究领域。

当大的制药企业逐渐意识到生物信息的重要性时，在研究基金的资助下，他们离开了原有的学术环境，投身到生物信息学的研究领域当中。

结果，我们失去了一些原有人才的产生机会，这些人当中的许多位如果没有选择从事这个领域的研究工作，或者说没有接受相关的培训，他们今天应该已经成为杰出的人物。

毕竟工业界存在和提供的机会要大得多。

今天，提供具有最好质量的，表述清晰的教科书是十分重要的，这也是为什么我们要费尽周折选取和确定合适的课程和内容，用于培训第一代将来有可能成为真正的生物信息学家的学生。

为了教授和培训大量的愿意致力于生物信息学研究的年轻科学家，或者更为通俗地讲，扩大和增加可以将信息技术应用于高通量生物学研究的群体，需要提供最为权威的处理方式，以提供最为坚实的基础，进而推动新一代科学家的诞生。

这样一项工作的实施最好也要获得很大的受众群，包括那些希望重新进行自我培训的已经成熟的科学家，同时需要建立在全世界各个地方都通用的培训标准和规则。

这本书极好地满足和实现了这些要求和目标，是我们当中致力于研究和理解结构和功能之间相互影响关系的每一个人必读的书籍。

## <<结构生物信息学>>

### 内容概要

本书共分29个章节，主要对结构生物信息学的基础知识作了介绍，具体内容包括蛋白质结构基础原理、PRoTEIN DATA BANK、识别蛋白质中的结构域、结构信息学与药物发现、CASP和CAFASP实验及其发现等。

该书可供各大专院校作为教材使用，也可供从事相关工作的人员作为参考用书使用。

## &lt;&lt;结构生物信息学&gt;&gt;

## 书籍目录

第1部分 简介 第1章 定义生物信息学与结构生物信息学 第2章 蛋白质结构基础原理 第3章 DNA和RNA结构基础原理 第4章 高通量结晶技术与高分子结构解析中的计算技术 第5章 生物大分子结构解析与NMR波谱技术 第6章 电镜 第7章 分子图形学第2部分 数据描述和数据库 第8章 PDB、mmCIF及其他数据格式 第9章 PRoTEIN DATA BANK 第10章 核酸数据库 第11章 其他基于结构的数据库第3部分 比较特征 第12章 蛋白质结构进化和SCOP数据库 第13章 CATH数据库 第14章 结构质量验证 第15章 全原子接触：一个确认结构的新方法 第16章 结构比较与比对第4部分 结构和功能测定 第17章 二级结构测定 第18章 识别蛋白质中的结构域 第19章 从蛋白质结构推测其功能第5部分 蛋白质相互作用 第20章 从进化信息预测蛋白质-蛋白质相互作用 第21章 静电相互作用第6部分 作为药物靶标的蛋白质 第22章 对接的原理、方法及配体设计 第23章 结构信息学与药物发现第7部分 结构预测 第24章 CASP和CAFASP实验及其发现 第25章 同源建模 第26章 折叠类型识别方法 第27章 从头预测方法第8部分 未来 第28章 一维预测：二级结构、跨膜螺旋以及溶剂可及性 第29章 结构基因组

## &lt;&lt;结构生物信息学&gt;&gt;

## 章节摘录

## 第1章 定义生物信息学与结构生物信息学 1.1 什么是生物信息学？

生物信息学的准确定义不无争议。

有人将其狭义定义为开发用于存储和处理基因组信息的数据库。

另有人将其定义拓宽到包括计算机生物学的全部。

基于在当前科学文献中的应用，生物信息学可以定义为对分子生物学中两类信息流的研究（Altman, 1998）。

其中第一类信息流源于分子生物学的中心法则：DNA序列被转录为mRNA序列，后者被翻译为蛋白质序列。

蛋白质序列继而折叠为具功能的三维（3D）结构。

按照达尔文理论，这些功能被生物体的环境所选择，从而驱动群体中DNA序列的进化。

因此，第一类的生物信息学应用关注于中心法则中任一阶段的信息传递，包括DNA序列中基因的组织与控制、确定DNA中的转录单位、从序列预测蛋白质结构以及分子功能分析。

第二类信息流是基于科学方法：提出关于生物学活动的假设，设计实验以验证这些假设，评估结果与假设的相容性，然后根据实验数据对原假设作扩展或修正。

第二类的生物信息学应用关注于这一流程中的信息传递，包括产生假设、设计实验、通过数据库将实验结果组织起来、检验数据与模型的相容性以及修正假设的各个系统。

尽管其应用仍在演化中，但通常不用生物信息学来描述针对生物学中细胞水平之上的问题的计算方法。

那些以高通量形式产生数据的实验技术——如DNA测序、质谱、微阵列表达分析（Miranker, 2000；Ahman和Raychaudhuri, 2001；GISC, 2001；Venter等, 2001）——的出现驱动了对生物信息学兴趣的骤增。

生物信息学依存于那些由于过于复杂而无法进行手工分析的大数据集的可获得性。

如蛋白质数据库（Protein Data Bank或PDB0, 参见第9章；Berman等, 2000）等数据库中3D大分子结构数目的快速增加推动了生物信息学的一个分支——结构生物信息学的出现。

结构生物信息学是生物信息学中关注于在原子和亚细胞空间尺度上结构信息表述、存储、获取和分析的分支。

<<结构生物信息学>>

媒体关注与评论

“这本书...对于所有致力于研究和理解结构与功能之间的相互影响的每个人都是一本必读的好书  
.....” ——加利福尼亚大学圣地亚哥分校 副校长

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>