第一图书网, tushu007.com

<<系统生物学>>

图书基本信息

书名：<<系统生物学>>

13位ISBN编号：9787308096584

10位ISBN编号：7308096580

出版时间：2012-6

出版时间：浙江大学出版社

作者：林标扬

页数：368

字数：439000

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

第一图书网, tushu007.com

内容概要

《系统生物学》由林标扬编著，本书将介绍系统生物学的基本概念和原理(第一篇)，然后介绍系统生物学研究的高通量技术和手段，包括蛋白质组学、基因组学、转录组学和代谢组学等研究手段(第二篇)，最后介绍系统生物学数据整合分析、计算和模拟的工具(第三篇)，供读者阅读学习。

作者简介

林标扬，首席科学家，曾为美国系统生物学研究所癌症研究组带头人8年，现为浙江大学教授，美国华盛顿大学兼职副教授。
1994年毕业于加拿大大不列颠哥伦比亚大学(UBC)，获医学遗传学博士。
随后游学欧洲，先后在英国帝国癌症研究中心、德国威尔茨堡大学(为洪堡学者)工作。
1998起师从系统生物学创始人、“ 国际系统生物学之父 ”、美国系统生物学研究所总裁、美国三院院士Leroy
Hood教授。
2006年在浙江大学浙江加州国际纳米技术研究院创立了系统生物学平台。

第一图书网, tushu007.com

书籍目录

第一篇 系统生物学概况
第1章 系统和系统生物学
1. 1 复杂系统的研究方法
1. 1. 1 还原论
1. 1. 2 神圣论
1. 1. 3 一般系统理论
1. 2 生物系统的特性
1. 2. 1 系统涌现性
1. 2. 2稳健性
1. 3 系统生物学是一门整合不同数据的交叉学科
1. 3. 1 系统生物学是结合自上而下和自下而上研究方法的学科
1. 3. 2 系统生物学是综合发现性科学和假说性科学研究手段的学科
1. 3. 3 代系统生物学的特征
参考文献
第2章 网络和网络系统生物学
2. 1 无标度网络
2. 2 阶层网络
2. 2. 1 聚合系数
2. 2. 2 小世界网络
2. 2. 3 阶层性的网络
2. 3 中心度
2. 3. 1 点度中心度
2. 3. 2 中间中心度
2. 3. 3 接近中心度
2. 3. 4 特征向量中心度
2. 4 生物网络模体
2. 5 网络模体的算法
2. 5. 1 生成随机网络的算法
2. 5. 2 子图搜索法
2. 5. 3 常用的网络分析软件
参考文献
第二篇 实验系统生物学
第3章 新兴的高通量测序技术
3. 1 第二代测序技术
3. 1. 1 454测序技术
3. 1. 2 Solena测序技术
3. 1. 3 SOLiD测序技术
3. 1. 4 第二代测序技术的缺陷
3. 2 第二、三代测序技术间的过渡
3. 2. 1 离子半导体测序技术
3. 2. 2 首个单分子测序平台
3. 3 第三代测序技术
3. 3. 1 实时单分子测序技术
3. 3. 2 纳米孔测序技术
3. 4 总结

参考文献
第4章 新兴高通量测序技术在系统生物学中的应用
4．1 新兴高通量测序技术在单核苷酸多态性鉴定中的应用
4．2 新兴高通量测序技术在检测基因组结构改变中的应用
4．3 新兴高通量测序技术在识别基因融合中的应用
4．4 新兴高通量测序技术在肿瘤基因表达谱研究中的应用
4．5 新兴高通量测序技术在全基因组范围转录因子DNA结合位点中的应用
4．6 新兴高通量测序技术在肿瘤表观基因组学研究中的应用
4．6．1 新兴高通量测序技术在组蛋白修饰研究中的应用
4．6．2 新兴高通量测序技术在DNA甲基化研究中的应用
4．7 新兴高通量测序技术在其他方面的应用
4．8 未来测序技术面临的挑战
4．8．1 有效区分致癌基因的“驱动突变”和“随从突变”
4．8．2 解决肿瘤异质性问题和充分利用福尔马林固定石蜡包埋组织样品
参考文献
第5章 质谱的基本原理
5．1 质谱原理
5．1．1 离子化
5．1．2 质谱仪分类
5．2 质谱的生物分析物测序
5．3 生物分析物的分离
参考文献
第6章 定量蛋白质组学
6．1 蛋白水平的定量策略
6．2 肽段水平的定量策略
6．2．1 基于串联质谱的蛋白质定性分析
6．2．2 蛋白质定量分析
6．3 常用同位素标记定量蛋白组学方法
6．3．1 SILAC方法
6．3．2 同位素编码的亲和标签技术
6．3．3 iTRAQ技术
6．3．4 氧18(18O)标记法
6．3．5 绝对定量法
6．4 无标记定量蛋白质组学
6．5 蛋白质组学各种定量方法的比较
6．6 蛋白质组学数据分析
6．6．1 格式转化软件
6．6．2 肽段蛋白鉴定分析软件
6．6．3 定量比较分析软件
6．6．4 后期分析软件
6．6．5 蛋白质组学数据分析平台
6．7 以小波理论为基础的蛋白质组学定量方法
6．8 蛋白质组学的局限和挑战
参考文献
第7章 亚蛋白质组学
7．1 磷酸化蛋白质组
7．1．1 磷酸肽的富集方法

7．1．2 磷酸肽的鉴定
7．1．3 新的碎裂技术
7．2 糖基化蛋白质组
7．2．1 糖蛋白和糖肽的富集
7．2．2 糖蛋白鉴定的难点
7．3 多肽组学
参考文献
第8章 GC-MS／LC-MS代谢组学分析
8．1 GC-MS代谢组学分析
8．2 GCXGC-MS代谢组学分析
8．3 HPLC-MS代谢组学分析
8．4 UPLC-MS代谢组学分析
8．5 HPLCX HPLC-MS代谢组学分析
8．6 发展与展望
参考文献
第三篇 计算系统生物学
第9章 基因调控网络
9．1 基因调控网络
9．2 基因调控网络模型概述
9．3 布尔网络模型
9．3．1 布尔网络
9．3．2 概率布尔网络
9．3．3 网络的动态行为
9．3．4 基因调控网络的预测
9．3．5 网络的扰动或干预
9．3．6 PBN的应用实例
9．4 贝叶斯网络模型
9．4．1 贝叶斯网络的概述
9．4．2 贝叶斯网络的学习
9．4．3 动态贝叶斯网络
9．4．4 贝叶斯网络应用
9．5 小结
参考文献
第10章 因特网上的数据库和工具
10．1 组学数据库
10．1．1 美国国家生物技术中心(NCBI)数据库
10．1．2 欧洲生物信息学研究所的数据库
10．1．3 Swiss—Prot，TrEMBL和UniProt
10．2 生物途径网络数据库
10．2．1 京都基因和基因组百科全书(KEGG)
10．2．2 其他生物途径数据库
10．3 蛋白相互作用数据库
10．4 基因本体注释和分类
10．5 蛋白结构数据库PDB
10．6 TRANSFAC和EPD转录子数据库
10．7 BRENDA数据库
10．8 Reactome数据库

10．9 基因组微阵列
10．10 生物系统建模工具
参考文献
第11章 蛋白质与其他分子相互作用生物信息方法介绍
11．1 蛋白质一蛋白质相互作用
11．1．1 蛋白质一蛋白质作用位点预测
11．1．2 蛋白质一蛋白质对接
11．2 蛋白质一小分子相互作用
11．2．1 蛋白质一小分子结合位点的预测
11．2．2 蛋白质一小分子对接与虚拟筛选
11．2．3 常用蛋白质一小分子对接软件介绍
11．2．4 小分子化合物数据库
11．3 蛋白质-DNA相互作用
11．3．1 蛋白质-DNA结合位点预测算法
11．3．2 metaDBSite算法介绍
11．4 小结
参考文献
第12章 系统生物学模拟工具
12．1 系统生物学标记语言
12．1．1 系统生物学标记语言
12．1．2 LilbSBML
12．1．3 基于MATLAB的SBML工具箱
12．1．4 基于Matlaematica的MathSBML
12．1．5 MathSBML软件具体应用
12．2 生物学网络图形编辑模拟工具CellDesigner
12．2．1 CellDesigner的主要特征
12．2．2 系统生物学图形化标注
12．3 Cytoscape数据整合及网络显示分析平台软件
12．3．1 Cytoscape简介
12．3．2 插件安装
12．3．3 BiNGO插件的安装和使用
12．3．4 Cerebral插件的安装和使用
12．3．5 Agilent Literature Search插件安装和使用
12．3．6 MiMI P1ugin插件的安装和使用
参考文献
索 引
彩 图

章节摘录

系统生物学平台创建于2006年5月，是浙江加州国际纳米技术研究院（以下简称纳米院）生物医药方向主要的研究平台之一。
纳米院是由浙江省政府、浙江大学、美国加州纳米技术研究院的等多方参与共建的国家级国际联合研究中心。
平台采用系统生物学方法和各种生物组学技术（如蛋白质组学、转录组学等）以及计算学相结合的方式，研究领域主要包括癌症基因组学、癌症蛋白质组学、癌症系统 生物学、肿瘤早期诊断标记物的开发、针对肿瘤细胞表面蛋白的纳米药物研发等。
平台由基因组学、功能验证、纳米药物、蛋白质组学、纳米影像、生物信息学6个科研组组成。
平台自创建以来，在首席科学家林标扬教授的带领下，已成功申请到5项国家课题（其中2项863项目，3项国际合作项目，1项国家自然基金项目）并承担多项省级课题和国内内合作项目。
在国内外权威期刊发表文章近三十篇，已获得1项软件著作权专利，5项专利正在审批中，申请2项PCT国际专利。
平台现有专职科研及行政人员7人，在读博士、硕士18人，毕业6人。
平台优势： 1.多学科如生物医学、数学、化学、药物学等的交叉研究，多个组学的数据整合分析，新的系统生物学的理念和强大的高通量数据分析能力，多学科交叉的科研队伍。
2.拥有国际先进水平的科研设备，包括热电公司的LTQ-Orbitrap 高分辨质谱仪，Illumina公司的超高通量测序仪、BD公司的全自动激光捕获显微切割仪、FACSArray Bioanalyzer 流式细胞仪、Linux集群计算机等大型仪器。
3.具有广泛的国际合作伙伴，定期进行合作交流。
4.强调具有医学应用前景的研究（Translational Research）并注重研究的商业产业化。
科研组介绍： 1.基因组学组：以新一代高通量Solexa测序 为基础，以重大疾病包括肝癌、脑瘤、前列腺癌等为研究对象，在基因组、转录组和单个基因功能等各个水平研究疾病的发生机制并寻找可能的药物靶点、诊断标记物。
主要利用新一代测序技术，对目标样本进行RNA-seq、ChIP-seq以及基因组测序，并在此基础上进行相关基因的功能验证。
主要研究方向包括：肝癌病例HBV整合位点寻找，肝癌和脑瘤转录组全测序，肝癌和脑瘤miRNA深度测序，胃肠癌重要基因突变位点寻找，胃癌病例全基因组测序，胃癌病例幽门 螺旋杆菌全基因组测序，大肠癌和脑瘤重要转录因子全基因组结合位点扫描，以及与胃肠癌、脑瘤、前列腺癌相关的重要基因功能验证。
课题组目前主要研究课题有 863课题“ 基于SBS 测序技术的我国高发现场胃肠癌重要基因全序列扫描分析 ”。
2.功能验证组：以系统生物学的理念为指导，基于 高通量、大规模的实验数据，结合生物信息学的分析手段，揭示出与癌症相关的重要信号通路。
同时对信号通路中新发现的关键分子进行具体的生物学功能研究，以 揭示出其在癌化过程中的具体作用机制，为后期的临床诊断和分子标记物的寻找提供坚实的基础。
另外，致力于发展出新的方法和技术，为靶标分子的功能验证及其 筛选提供坚实的技术支持，以满足高通量、精确定量地来研究生物分子的结构和功能的需要，最终为后期生物分子的临床应用以及基因治疗扫清障碍。
3.纳米药物组：以基因组学技术和蛋白质组学技术 为导向，结合纳米药物，研发靶向纳米药物的肿瘤治疗；同时研究肿瘤的相关耐药基因。
主要研究内容包括：1）纳米药物载体；2）以耐药研究为中心点，明确肿 瘤相关耐药基因的重要功能，具有潜在前景的基因可用于新产品研制与开发；3）证明肿瘤特异表达膜蛋白，完成特异性结合肽体内外筛选和鉴定；4）研发具有精 确表面模式的纳米药物载体，即针对肿瘤的特异性膜蛋白的智能抗癌纳米药物，可以穿透肿瘤，然后在肿瘤深处释放化疗药物，摧毁癌细胞而不会损伤健康细胞。
4.蛋白质组学组：主要研究比较蛋白质组学以及定 量蛋白质组学。

对肝癌、乳腺癌、股骨头坏死等疾病的正常与病变组织或血清、细胞蛋白采用蛋白质组学方法进行比较，运用质谱技术鉴定差异蛋白进行分析。
采用 SILAC或Cleavage ICAT定量技术对蛋白进行标记，进行定量蛋白质组学研究。
5.纳米影像组：主要通过纳米技术结合医学影像技术研究肿瘤发生发展作用机理，以及肿瘤早期诊断与靶向治疗应用基础研究。
主要研究方向：1）肿瘤干细胞在恶性肿瘤发生发展作用机制；2）肿瘤生物标记物早期诊断与检测纳米影像探针；3）抗肿瘤小核苷酸纳米靶向药物开发。
6.生物信息学组：主要研究内容为结构生物信息学 和计算系统生物学。
基于空间结构研究蛋白与其它蛋白及小分子相互作用的机制，研究探讨蛋白序列-结构-功能的关系并由此开发各种生物信息学算法和软件；与 平台其他研究小组紧密合作，应用生物信息学算法系统阐明肿瘤发生、发展过程中各种关键蛋白相互作用机制；基于蛋白-蛋白相互作用网络发现关键药物靶标和生 物标记物。
基于结构对靶标进行小分子药物虚拟高通量筛选和药物设计，以寻找新型小分子药物，使其能抑制关键蛋白之间的相互作用，从而开发靶向治疗肿瘤的药 物。
同时开发新一代测序数据分析的生物信息学算法和软件。
……

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