

<<合成生物学导论>>

图书基本信息

书名：<<合成生物学导论>>

13位ISBN编号：9787030267313

10位ISBN编号：7030267311

出版时间：2010-2

出版时间：科学出版社

作者：宋凯 编著

页数：172

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>

<<合成生物学导论>>

前言

合成生物学是21世纪初出现的一门新兴交叉学科，在这里，生物学、工程学和数学紧密地结合在一起。

合成生物学的出现是分子生物学经历了半个多世纪的发展，特别是人类基因组和模式生物基因组计划实施以来，伴随着生物信息学和系统生物学迅速发展的一个合乎逻辑的结果。

在人类深入认识生命现象的基础上，合成生物学旨在设计和构建工程化的生物系统，使其能够处理信息、操作化合物、制造材料、生产能源、提供食物、保持和增强人类的健康和改善我们的环境。

因此，合成生物学既是一门科学，也是一门技术，它是继遗传工程之后出现的新一代生物技术，代表了生物技术发展的一个新的制高点。

2004年美国麻省理工学院主办的世界著名科技杂志TechnologReview，曾将合成生物学列为将改变世界的十大新出现技术之一。

在2008年以合成生物学为主题的第322次香山科学会议上，与会专家一致肯定了合成生物学对我国未来国民经济发展的重大意义。

无论是我国制定的中长期科技发展规划，或者是国务院颁发的《促进生物产业加快发展的若干政策》，都对生物技术给予极为充分的重视。

在中国科学院最近出版的《创新2050：科学技术与中国的未来》系列丛书之一——《科技革命与中国的现代化——关于中国面向2050年科技发展战略的思考》一书中，将人造生命和合成生物学列为22个战略性科技问题之一；同时又将人造生命和合成生物学预测为“可能出现革命性突破的4个基本科学问题”之一。

<<合成生物学导论>>

内容概要

本书共分5章。

第1章介绍合成生物学的基本概念和内容，使读者对合成生物学有一个全面的了解。

第2章和第3章介绍合成生物学设计和分析的基本方法、合成生物学的层次化结构和概念及合成生物学中的常用算法。

第4章和第5章介绍合成生物学在基础和实际应用方面的研究内容、成果和进展，包括经典的双稳态开关、大肠杆菌成像系统、微生物计算机、合成青蒿酸的微生物工厂等。

合成生物学是21世纪的新兴交叉科学，强调“设计”和“重设计”，其目的是通过人工设计和构建自然界中不存在的生物系统来解决能源、材料、健康和环保等问题。

合成生物学的发展要以生物学、化学、物理学、数学、信息科学、工程科学、计算机科学等相关学科的发展为基础。

本书可作为具有一定生物学基础的本科生和研究生教材，也可作为相关领域的学者和研究人员的参考书。

<<合成生物学导论>>

书籍目录

序一	序二	前言	专有名词英汉对照表	第一章 绪论	第一部分 合成生物学概述	1.1 合成生物学的诞生
1.2 合成生物学的定义	1.3 合成生物学的研究内容	1.3.1 生物大分子的合成与模块化	1.3.2 生物基因组的合成、简化与重构	1.3.3 合成代谢网络	1.3.4 遗传 / 基因线路的设计与构建	1.4 合成生物学的意义
1.4.1 加速合成生物系统工程化的进程	1.4.2 验证和深化对于生物现象的理解,	1.5 合成生物学的工程本质	1.6 合成生物学与相关生物学科	1.6.1 与遗传工程的关系	1.6.2 与分子生物学和细胞生物学的关系	1.6.3 与系统生物学和功能基因组学的关系
1.6.4 与生物信息学的关系	1.7 合成生物学国际会议及国际遗传机器大赛	1.7.1 合成生物学国际会议(Synthetic Biology)	1.7.2 国际遗传机器大赛	第二部分 合成生物学引发的思考	1.8 人类千造物主	1.8.1 道德规范
1.8.2 对环境无控制地排放	1.8.3 生物武器的滥用	1.8.4 对生物的专利与垄断	1.8.5 创造人工生命?	1.8.6 究竟该如何应对?	第2章 合成生物系统的设计	第一部分 合成生物系统的模块化与层次化结构
2.1 合成生物学的模块化设计	2.1.1 模块设计的三个特征因素	2.1.2 细胞本底环境对模块化设计的影响	2.1.3 无细胞合成生物系统	2.2 标准化生物模块——生物积块	2.2.1 BioBrick命名规则	2.2.2 BioBrick的连接
2.3 标准定量机制	2.3.1 PoPS	2.3.2 RIPS	2.4 生物系统的层次化结构	2.4.1 生物部件“Pan”	2.4.2 生物装置“Device”	2.4.3 生物系统“System”
2.4.4 细胞群体系统及多细胞系统	第二部分 合成生物系统的逻辑拓扑结构	2.5 串联	2.6 单输入	2.7 多输入	2.8 反馈	2.9 前馈
第3章 合成生物系统的数学模拟与性能分析	第一部分 生物系统的数学模拟	3.1 常微分方程	3.1.1 质量作用定律	3.1.2 米氏方程	3.1.3 希尔方程	3.2 Logistic模型
3.2.1 单种群细胞自由生长的Logistic模型	3.2.2 两种细胞自由生长的Logistic模型	3.3 主方程	3.4 随机微分方程	3.5 模式识别	3.5.1 聚类分析	3.5.2 分类分析
3.6 小结	第二部分 合成生物系统性能分析	3.7 常用性能指标	3.7.1 稳定性	3.7.2 鲁棒性	3.7.3 响应快速性	3.8 稳定性分析
3.9 鲁棒性分析 / 敏感性分析	3.10 提高系统稳定性和鲁棒性的机制	3.10.1 冗余	3.10.2 反馈控制	3.10.3 特异性和保真度	第4章 合成生物学的基础研究	第5章 合成生物学的应用研究
参考文献	主要网站	附录A 名词解释	附录B iGEM参赛项目选介	名词索引	人名索引	

<<合成生物学导论>>

章节摘录

根据分子生物学的“中心法则”，生物遗传信息的主要传递过程是以DNA为模板指导RNA的合成并由mRNA指导蛋白质的合成。

DNA测序技术、遗传工程技术、聚合酶链反应技术（PCR技术）、蛋白质晶体学技术等一系列生物技术的发展，使人类理论上可以进行任何蛋白质从氨基酸序列到局部超二级结构（模体，motif）的改造和组合。

合成生物学设计功能相对独立、可以被组装的蛋白模块以探索生物的可塑性和构建崭新的生物系统，因此对基本组分“工具箱”中蛋白质的需求远比自然界能够提供的种类多得多。

例如，目前通过聚合酶链反应实现的基因扩增等生物过程主要是由自然界提取的酶（限制性内切核酸酶、连接酶、聚合酶）来执行的，这些酶受到底物和环境等的限制，在模块化和功能性方面无法完全满足人工生物系统的要求，因此需要开发模块化、标准化的人工蛋白模块。

这些蛋白模块可以通过蛋白自身域结构的重新组合来巧妙地实现——生物体中有两类DNA结合蛋白具有功能相对独立的锌指（zincfinger）结构，一类是锌指蛋白，另一类是甾类受体。

蛋白质中的锌指结构由一组保守的氨基酸残基（半胱氨酸和组氨酸）的侧链和锌离子以配位键结合，在蛋白质中形成了相对独立的超二级结构，使蛋白质与DNA特异序列结合，像一根根手指伸向DNA的大沟。

巧妙地利用这种结构，可以人工设计多锌指DNA结合蛋白，进而重组蛋白模块获得崭新的蛋白质功能，如崭新的酶底物结合特异性等。

<<合成生物学导论>>

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>