

<<生物信息学中计算机技术应用>>

图书基本信息

书名：<<生物信息学中计算机技术应用>>

13位ISBN编号：9787121107313

10位ISBN编号：7121107317

出版时间：2010-5

出版时间：电子工业出版社

作者：陈绮

页数：220

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>

## 前言

2001年2月,人类基因组序列图谱公开发表,这意味着后基因时代的到来。

当基因序列在细胞中的角色都定位清楚后,人们才能真正理解其价值。

人类后基因组计划由序列(结构)基因组学向功能基因组学转移,生命科学的研究重心从基因组学(Genomics)转变为蛋白质组学(Proteomics),其中心任务是阐明基因组所表现的真正执行生命活动的全部蛋白质的表达规律和生物功能,其目的是对基因组生物学功能进行研究和应用。

目前,有关蛋白质的各种研究如火如荼,但是人类对蛋白质的认识还只是冰山一角。

对基因所表达的各种蛋白质都通过实验进行研究是不切实际的,新测得的蛋白质可通过与已知特性的蛋白质进行结构或序列比较后推知其生物功能。

在生物的演化过程中,蛋白质的结构比其序列更保守,序列变化不一定会改变蛋白质的结构,但相似结构的蛋白质却可能具有不同的序列,而具有相似结构的蛋白质往往具有相似的功能,因此结构比较更受重视。

在活性细胞中,蛋白质通过与其他分子的适当结合,执行了几乎全部的主要功能,蛋白质的结构对其功能具有重要的意义。

结构基因组学(Structure Genomics)就是在此条件下蓬勃发展的,通过不断提高对蛋白质结构的认识,可以改进和完善由结构比较推测新蛋白质的方法。

蛋白质结构的相关研究可帮助生物学家鉴定新的蛋白质、对蛋白质进行分类、预测蛋白质的功能、进行同源分析及辅助药物设计等,在医药、农业、畜牧业、微生物应用及人类健康和社会经济等领域具有重大意义。

人类基因组计划的目的一在于阐明人类约10万种蛋白质的结构、功能、相互作用及与各种人类疾病之间的关系。

蛋白质的三维结构与功能有着密切的关系,对蛋白质结构的研究是蛋白质组学中最核心、最基本的问题,而蛋白质三维结构的比较研究却属于三维物体形状比较的一个分支。

本文针对蛋白质三维结构比较中兼顾全局比较与局部比较的关键技术和主要算法进行了深入的研究,将数据挖掘技术与图形图像处理技术有机地结合起来,研究了蛋白质三维结构数据的规范化处理、蛋白质三维结构特征提取、蛋白质空间结构多层次比较等关键技术。

本书可作为大学高年级本科生及硕士生的参考书,也可作为科研人员的参考资料。

## <<生物信息学中计算机技术应用>>

### 内容概要

本书结合计算机图形图像处理、模式识别、数据挖掘等技术，利用当前关于蛋白质结构研究的最新成果，讨论蛋白质三维结构比较中兼顾全局比较与部分比较的关键问题，有效解决了蛋白质三维结构的多层次比较。

内容包括蛋白质三维结构的可视化、蛋白质三维结构统一坐标系的建立、统一坐标系下蛋白质结构频谱建立、基于灰色关联的蛋白质三维结构相似性算法研究以及蛋白质三维结构空间复杂性的分形研究。

## &lt;&lt;生物信息学中计算机技术应用&gt;&gt;

## 书籍目录

第1章 绪论	1.1 引言	1.2 生物信息学	1.3 生物信息学中的计算机技术应用	1.4 蛋白质结构模型
	1.5 生物系统背景知识	1.6 本书研究的内容	1.7 本书的组织结构	1.8 本章小结
第2章 生物信息中的结构比较	2.1 结构比对 (Structure Alignment)	2.2 VAST与DALI	2.3 全局与局部结构比较	
	2.4 利用数学记号进行结构比较	2.5 生物大分子表面结构的比较	2.6 本章小结	第3章 三维结构比较
3.1 三维结构比较研究	3.2 基于体模型比较	3.3 基于三维模型几何相似性的比较	3.3.1 基轮廓的几何相似性比较算法	
3.4 三维模型相似性度量方法的分类	3.5 本章小结	第4章 蛋白质三维结构可视化	4.1 蛋白质存储结构分析	4.2 PDB文件中对于大分子结构的描述
4.3 MATLAB下蛋白质三维结构可视化实现	4.4 本章小结	第5章 建立蛋白质三维结构频谱	5.1 三维物体形状特征提取	5.2 统一坐标系的建立
5.3 小波分析	5.4 基于蛋白质碳原子距离的多分辨频谱建立	5.5 基于统一坐标序列的蛋白质三维结构多分辨频谱建立	5.6 本章小结	第6章 蛋白质三维结构相似性
6.1 三维模型相似性比较	6.2 灰色系统理论概述	6.3 蛋白质三维结构相似性的灰色关联分析	6.4 蛋白质三维结构频谱的灰色关联分析	6.5 本章小结
第7章 蛋白质三维结构空间复杂性	7.1 生物学中的分形[Den06]	7.2 分形的概述	7.3 基于分形的蛋白质三维空间结构复杂性研究	7.4 基于结构频谱分形的蛋白质三维结构相似性比较
7.5 本章小结	第8章 蛋白质三维结构视图系统	8.1 系统框架	8.2 系统功能	8.3 本章小结
后记	一、相关研究	二、有关蛋白质三维结构预测的研究	参考文献	

## 章节摘录

《Nucleic Acids Research》杂志连续7年在其每年的第1期中详细介绍最新版本的各种数据库。在2000年1月1日出版的第28卷第1期中详细地介绍了115种通用和专用数据库，包括详尽描述和访问网址。

迄今为止，生物学数据库总数已达500个以上。

在DNA序列方面有GenBank、EMBL和DDBJ等；在蛋白质一级结构方面有SWISS-PROT、PIR和MIPS等；在蛋白质和其他生物大分子的结构方面有PDB等；在蛋白质结构分类方面有SCOP和CATH等。

应该指出，几乎所有这些数据库对学术研究部门或人员来说都是免费的，可以免费下载或提供免费服务。

但是，鉴于相当多的数据库经营者们面临着资金紧缺的境地，这种免费的局面还能维持多久就不得而知了。

有的数据库，如SWISS-PROT，已开始向商业用户每年收取数千至数万美元不等的使用费。

其他数据库暂时还是免费的，但不知是否永远免费。

如果一些重要的数据库对学术研究部门开始收费，这对于我国生物信息学的发展是非常不利的。

中国是一个基因信息资源大国，应当抓紧建设我国自有的数据库，在世界上作出贡献，在平等的基础上与国外共享生物信息资源。

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>