

<<生物分子网络的构建和分析>>

图书基本信息

书名：<<生物分子网络的构建和分析>>

13位ISBN编号：9787030344489

10位ISBN编号：7030344480

出版时间：2012-6

出版时间：科学出版社

作者：刘曾荣 等著

页数：285

字数：360000

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>

## <<生物分子网络的构建和分析>>

### 内容概要

系统生物学是一门新兴的学科它以系统的观点看待生物系统，把生物系统作为一个多尺度的动态的复杂系统因而在研究中除了正常的生物学知识外，还需要图论（网络）、控制论以及动力系统理论，本书结合生物问题，介绍了与系统生物学有关的各种所需知识。

刘曾荣和王瑞琦等编著的《生物分子网络的构建和分析》可供来自高等院校生物、数学、信息和计算机科学等相关专业并从事系统生物学交叉研究的研究生和青年学者使用，《生物分子网络的构建和分析》也可供相关的科研工作者和工程技术人员参考。

# <<生物分子网络的构建和分析>>

## 书籍目录

- 《非线性动力学丛书》序
- 前言
- 绪论
  - 0.1 分子生物学简介
  - 0.2 分子系统生物学研究的基本特征
- 参考文献
- 第1章 复杂网络
  - 1.1 复杂系统研究的概况
  - 1.2 生物系统是复杂系统
  - 1.3 网络基础理论
  - 1.4 复杂系统建模——复杂网络
  - 1.5 生物网络特征的简介
- 参考文献
- 第2章 化学反应动力学
  - 2.1 质量作用定律
  - 2.2 酶动力学
- 参考文献
- 第3章 单调动力系统
  - 3.1 单调动力系统基础
  - 3.2 单调动力系统的动态与分解
- 参考文献
- 第4章 基于生物数据的网络推导
  - 4.1 概述
  - 4.2 转录调控网络
  - 4.3 转录后调控网络
  - 4.4 转录调控网络模体
  - 4.5 常用生物网络分析和可视化软件
  - 4.6 小结
- 参考文献
- 第5章 由进化论构建网络的方法
  - 5.1 用DD方法研究生物网络的度负关联性
  - 5.2 DD方法构建具有综合生物网络特征的模型
  - 5.3 用DD方法构建平均场意义下的生物网络
- 参考文献
- 第6章 基于生物分子网络的知识发现
  - 6.1 网络模体
  - 6.2 生物网络中的分层结构
  - 6.3 基于生物网络的知识挖掘
- 参考文献
- 第7章 细胞信号转导通路：建模和识别
  - 7.1 细胞信号转导
  - 7.2 信号转导网络建模
  - 7.3 基于蛋白质相互作用网络的信号通路识别
  - 7.4 信号途径的应用
  - 7.5 总结

## <<生物分子网络的构建和分析>>

### 参考文献

#### 第8章 具有典型动力学性质的生物分子网络介绍

- 8.1 具有平凡动力学特征的网络
- 8.2 具有开关效应的网络
- 8.3 具有振荡效应的网络
- 8.4 具有可激发性质的网络

### 参考文献

#### 第9章 生物分子网络中的调控现象

- 9.1 基因表达调控
- 9.2 小RNA调控
- 9.3 积分控制
- 9.4 单调控制系统

### 参考文献

#### 第10章 一些生命现象的网络分析例子

- 10.1 细胞周期
- 10.2 酵母细胞周期网络的离散和连续模型
- 10.3 酵母细胞周期网络的随机模型
- 10.4 生物节律
- 10.5 哺乳动物节律的网络模型
- 10.6 细胞通信和细胞同步行为研究
- 10.7 适应性模型

### 参考文献

## &lt;&lt;生物分子网络的构建和分析&gt;&gt;

## 章节摘录

版权页：插图：生命在从简单到复杂、从低级到高级的进化过程中，起决定作用的不是基因个体数目，而是生命系统中基因、蛋白质和生物分子的相互作用而形成的复杂性。

因此，客观上当前最迫切的课题是需要系统生物工作者从生物分子整体水平上解释生命现象。

另外，随着生物学的发展，人们利用各种高通量技术已经采集到海量的生物数据，可以把这些数据直接用来建模；同时，科学家们还可间接利用来源于不同角度所积累的各种高通量数据中的信息，获得更为完整的生物分子相互作用的模型。

总之，从目前来看，我们既有在分子水平进行系统生物学的理论需要，又有构建进行研究的模型的实验基础，因而分子系统生物学首先得到了发展，这也是Nature杂志将其系统生物学的子刊定名为Nature-Molecular Systems Biology的原因。

当然，有了模型后，就需要科学家们对模型的整体性态和动态过程进行更深入的研究。

从目前来看，大致要用到计算机科学、动力系统、控制论和图论等各方面知识。

如上所述，可看出分子系统生物学研究是涉及多学科的研究，国外已经非常重视这种交叉研究。

已经开展的分子系统生物学的研究结果表明这样的研究方式不仅可以帮助生物学家理解复杂的生物功能，也可以从系统的广度来理解生命系统的根本机制或者本质规律。

因此，这种系统分子生物学研究方法在短短几年中得到迅速发展，成为生物学研究中的热点。

本书主要集中于分子系统生物学的内容，主要是介绍建模、动力学分析和控制机制研究，希望能推动国内在这方面的交叉研究。

从这个角度出发，本节主要介绍与分子系统生物学有关的问题。

分子系统生物学的研究工作除了有关的生物实验外，大致也要经历所研究问题的建模、模型的动力学行为和机制的分析以及用所得结果给出生物功能的讨论和对如何理解生物现象的解释。

首先讨论分子生物系统的建模。

在分子系统生物学研究中，一个重要的任务是如何整合大量的生物数据来正确地建立所需要研究问题的模型。

高通量生物实验手段得到的数据通常有两个主要问题：一是相对的数量和信息量不足，只能观测到复杂生命现象中的一个部分；二是数据的质量不够可靠，通常有大量的假阳性数据存在。

因而必须发展各种计算方法，针对这些问题来切实有效地推断或解决模型构建问题。

这里我们先以基因调控关系模型建立为例来作一个简单说明。

基因调控关系预测的研究是一个重要方面，大量积累的微阵列（microarray）基因表达数据为从生物实验数据中学习基因间调控关系，进而构建基因调控网络和信号传导通路提供了有效的途径。

这类数据的特点是一次微阵列实验能获得细胞在某一条件下的全基因组表达数据，包含成千上万的基因在细胞中的相对或绝对丰度。

但是由于生物实验条件所限，一次实验只能获得少数的样本点，因此基因数据维数远远高于样本个数，这就导致了由于基因表达数据的“维数灾难”所造成的数据相对于构建数学模型不足的困难，从而使集成各种不同的信息源、从实验数据出发通过反向工程方法重构可靠的模型成为分子系统生物学中有关建模研究中的最富挑战性的问题。

一种新的重建基因调控网络方法——GRNInfer，与传统的只依靠单一时间序列数据集来推断基因调控网的方法不同。

它的特点是能够在统一的数学规划框架下系统地集成多个时间序列数据集，并且允许这些数据集是在不同条件（细胞周期的不同阶段、药物作用时间、肿瘤类型、不同患者等）下的全基因组表达数据。这种方法在理论上保证从所有数据集中可以得到最相容的网络结构，因此极大地缓解了基因调控网络重建方法因微阵列数据样本点个数少所产生的困难，并且显著地提高了基因调控关系预测的可靠度和精度。

我们还提出了一类整数线性规划（ILP）模型预测信号转导通路的模型。

信号转导通路是多细胞生物细胞间进行通信的关键过程，细胞内的各种生物过程（如蛋白质-蛋白质/DNA相互作用、蛋白质翻译后修饰、基因表达调控等）都与各种各样的信号通路有关，由于信号转

## <<生物分子网络的构建和分析>>

导主要是由蛋白质相互作用实现的，因此利用蛋白质相互作用网络识别信号通路正逐渐成为系统生物学中的研究热点。

蛋白质相互作用网络可以表示成一个无向图 $G(V, E)$ ，其中 $V$ 为网络的顶点（蛋白质或者基因）， $E$ 为网络的边（如蛋白相互作用）。

从优化角度来看，从网络 $G$ 中识别一个信号通路可以看作是从 $G$ 中寻找一个子网络，该子网络能满足某种评价指标或目标函数。

整数线性规划模型把信号转导网络当成一个整体来处理，而不是用探索排序的方法来组装单个的线性通路。

更重要的是，该模型可以很容易地增加限制条件，并且该方法不用预先限制网络的结构。

因此，它可以充分利用来自实验结果和文献的信息，并且可以直接探测具有一般网络结构的信号通路。

同时这个优化问题采用了一个松弛的线性规划算法来求解，所以用它来解决大规模的问题将不会带来任何数值计算的困难。

在建模方面，除了上面介绍的一些工作外，还有不少学者也试图从生物理论出发来构建相应的模型。

这方面工作的依据是进化论，因为进化论是生物现象满足的基本规律。

这样在分子层次上，描述生物分子整体行为的模型所具有的基本特征，应该来自于生物进化论。

这样就自然想到以生物进化论为出发点来建立分子系统生物学模型的基本框架。

众所周知，从自然选择和生物进化论来看，复制和变异是生物分子进化的内在基本机制。

近几年来，不少研究者提出了各种不同的基于复制、变异准则的分子系统生物学的模型。

通过把已有的这些模型的结果与生物结果比较，可以发现这种方法有一定的有效性，能从不同侧面反映生物的实际情况，但离建立一个有一定普适性的框架似乎还相距甚远。

## <<生物分子网络的构建和分析>>

### 编辑推荐

《非线性动力学丛书:生物分子网络的构建和分析》编辑推荐：20世纪70年代，人们在研究两个客体相互作用时发现了混沌动力学行为，从而推动了非线性科学迅速发展，在此基础上，人们又进一步考虑许多客体发生相互作用时会发生什么现象的问题模型研究表明这种系统存在着不同于定态、周期态和混沌态的更复杂的动力学行为，于是人们对这种现象产生了兴趣，提出了复杂性问题，在20多年对复杂性问题研究中，科学家碰到了前所未有的困难，当然也总结了不少经验，这些经验中最重要的一条是复杂性的研究首先要基于复杂系统分析，从具体的复杂系统研究中找出规律性东西，进一步的工作又认识到生命系统是复杂系统最典型的例子这样就自然地复杂性理论角度提出了研究生物问题的要求。

《非线性动力学丛书:生物分子网络的构建和分析》可供来自高等院校生物、数学、信息和计算机科学等相关专业并从事系统生物学交叉研究的研究生和青年学者使用，也可供相关的科研工作者和工程技术人员参考。

<<生物分子网络的构建和分析>>

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>