

<<分子考古学导论>>

图书基本信息

书名：<<分子考古学导论>>

13位ISBN编号：9787030234049

10位ISBN编号：7030234049

出版时间：2008-12

出版时间：蔡大伟 科学出版社 (2008-12出版)

作者：蔡大伟 编

页数：249

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>

## <<分子考古学导论>>

### 前言

《分子考古学导论》是在我国古DNA研究开创者之一吉林大学边疆考古研究中心古DNA实验室周慧、朱泓教授的扶植、鼓励下，在吉林大学边疆考古研究中心、生命科学学院众多老师、同事的关心、帮助下完成的。

特别是周慧先生，我的硕士、博士研究生导师，建议由我这个古DNA研究领域的新兵主编这本书，充分体现了她提携后辈的无私精神；吉林大学边疆考古研究中心主任朱泓先生十分关心分子考古学的学科建设与发展，在本书撰写过程中给予了无私的指导和宝贵的建议。

在此，我表示深深的敬意和感谢。

从世界范围看，现代考古学已逐渐演变成一个以人文科学研究为目的，包含大量自然科学方法的交叉性学科。

20世纪80年代，随着分子生物学技术飞速发展，尤其是PCR扩增技术的出现以及对古DNA研究的深入，考古学家和分子生物学家将以古DNA研究为主导的现代分子生物学引入传统考古学研究领域，并逐渐形成了新兴的考古学分支学科——分子考古学。

1998年，吉林大学生命科学学院与考古系合作成立了国内第一个考古DNA实验室，随后承担了多个国家重大项目。

近十年来一直从事古DNA研究工作，研究范围也由最初的古代人类扩展到古代动植物，本人有幸见证并参与了整个过程的研究。

多年的研究使实验室的老师和研究生们对古DNA研究的理论、方法及其在考古学中的应用有了深刻的认识，积累了丰富的资料，这也是本书的基础。

本书是我国该领域的第一部基础性读物，它系统地介绍了分子考古学的基本概念、理论原理、研究方法以及国内外的主要研究方向和进展，适合作为考古学、博物馆学本科生、研究生的必修课教材，同时，也可以作为分子进化和古生物专业研究人员的参考书。

本书的编写是集体智慧的结晶，周慧老师负责编写第一篇生物学基础以及书稿的审阅，王海晶老师负责第二篇第5章、许月老师负责第二篇第7章的编写工作，张小雷硕士负责第三篇第10章部分内容的编写工作，崔银秋老师在本书写作过程中提供了大量的研究成果，并提出了宝贵的意见。

本书的其余章节和参考文献的整理均由本人完成，本书中的部分图片和内容引自互联网，很多是网上转帖的内容，实难确定作者或出处，故在本书中没有标注，请相关作者海涵。

本书还参考了本实验室已经毕业的博士于长春、段然慧、付玉芹、谢承志等的博士论文中的内容，在此一并表示感谢。

## <<分子考古学导论>>

### 内容概要

《分子考古学导论》是我国分子考古领域的第一部基础性读物，它系统地介绍了分子考古学的基本概念、理论原理、研究方法以及国内外的主要研究方向和进展。

《分子考古学导论》适合作为考古学、博物馆学本科生、研究生的必修课教材，同时，也可以作为分子进化和古生物专业研究人员的参考书。

## <<分子考古学导论>>

### 作者简介

蔡大伟，1969年11月出生于长春。

2007年毕业于吉林大学生命科学学院，获理学博士学位，于当年留在吉林大学边疆考古研究中心任教，主讲“分子考古学”课程，现为吉林大学历史学博士后流动站博士后，多年来一直从事分子考古研究，参与多个国家级重大项目的研究工作，先后发表文章十余篇，其中在SCI收录的刊物上发表论文5篇，近期的主要研究方向是中国古代家养动物的起源研究，先后对中国多个遗址出土的绵羊和马遗骸进行了古DNA分析，从分子水平上揭示了中国绵羊以及家马的起源，为探索古代社会的经济结构以及人群的迁徙提供了分子生物学证据。

## &lt;&lt;分子考古学导论&gt;&gt;

## 书籍目录

前言绪论一、什么是分子考古学？

二、分子考古的主要研究内容1.研究人类的起源与迁徙2.古代动植物的驯化3.古人的个体识别、群体遗传关系及族属鉴定4.古人与生活环境的关系5.古病理研究三、分子考古学理论基础与研究方法四、什么是古DNA，有何特点？

五、古DNA分子保存年限六、古代DNA研究的历史与现状第一篇 生物学基础第1章 生物大分子1.1 蛋白质1.1.1 肽键1.1.2 蛋白质的结构与功能1.1.3 同源蛋白质1.2 核酸1.2.1 碱基、核苷、核苷酸1.2.2 核酸的紫外吸收1.2.3 核酸的变性、复性与杂交第2章 基因与基因组2.1 基因的定义2.2 基因组定义2.3 半保留半不连续复制机制2.4 基因的突变、损伤与修复2.5 基因重组2.6 基因转录2.7 遗传密码2.8 蛋白质的生物合成第3章 基因组演化与物种分类3.1 细胞的形成3.2 从单细胞生物到多细胞生物3.3 病毒基因组3.4 原核生物染色体结构3.5 真核生物的染色体结构3.6 人类基因组3.7 基因组进化模式3.8 物种的分类3.9 分子系统树第4章 遗传多态性标记4.1 遗传多态性标记的分类4.1.1 形态、生理标记4.1.2 染色体标记4.1.3 血型和蛋白质标记4.1.4 DNA标记4.2 DNA多态性研究4.2.1 DNA多态性形成机制4.2.2 DNA标记的分类4.2.3 人类DNA多态性研究的历史和现状-4.3 mtDNA遗传多态性标记4.3.1 mtDNA遗传系统的特点4.3.2 mtDNA多态性检测方法4.3.3 mtDNA多态性研究在人类进化上的应用 4.3.3.1 非洲人群的迁移和mtDNA变异4.3.3.2 欧洲人群的迁移和mtDNA变异4.3.3.3 亚洲人群的迁移和mtDNA变异4.4 Y染色体遗传标记4.4.1 Y染色体结构4.4.2 Y染色体遗传系统的特点4.4.3 Y染色体变异形式4.4.4 Y染色体多态性检测方法4.4.5 单核苷酸多态位点变异在人类进化中的应用 第二篇 古DNA应用实例第5章 人类古DNA研究应用5.1 古DNA在人类起源研究中的应用5.2 古DNA在人群水平上的应用5.2.1 欧洲人群研究5.2.2 新疆地区人群研究5.2.3 中国北方地区古代人群研究5.3 古DNA在家庭或家族水平上的应用5.4 古DNA在个体水平上的应用5.4.1 性别鉴定5.4.2 个体身份识别5.5 古DNA在古病理学的应用第6章 古DNA与家养动物起源研究6.1 家养动物起源研究的研究方法6.1.1 考古调查6.1.2 分子生物学分析6.2 家猪的起源研究6.3 狗的起源研究6.4 黄牛的起源研究6.5 绵羊的起源研究6.6 山羊的起源研究6.7 家马的起源研究第7章 植物古DNA研究应用7.1 小麦古DNA研究应用7.2 玉米古DNA研究应用7.3 稻古DNA研究应用7.4 高粱古DNA研究应用7.5 其他植物遗存古：DNA研究应用7.6 植物化石古DNA研究应用7.7 冰芯中植物古DNA研究应用第三篇 古DNA的研究方法第8章 古DNA研究流程8.1 古DNA实验技术流程8.1.1 考古发掘人员样本采集8.1.2 样本评估8.1.3 样本处理8.1.4 DNA提取8.1.5 PCR扩增8.1.5.1 PCR技术的基本原理8.1.5.2 PCR反应5要素8.1.5.3 PCR系统中的其他成分8.1.5.4 PCR反应参数8.1.6 PCR产物检测8.1.7 PCR产物纯化8.1.8 测序8.2 古DNA序列的真实性8.2.1 污染来源8.2.2 污染的控制8.2.3 污染的识别8.2.4 甄别古DNA的标准8.3 古DNA研究中的新进展8.3.1 荧光实时定量PCR8.3.2 扩增产物长度多态性8.3.3 嘧啶N糖基化酶8.3.4 焦磷酸测序技术8.3.5 多重PCR第9章 古DNA数据分析9.1 系统发育分析9.1.1 系统发育树9.1.2 序列比对与排序9.1.3 系统发育树的重建9.1.3.1 距离法9.1.3.2 简约法9.1.3.3 似然法9.1.3.4 进化树搜索9.1.3.5 系统树树根的确 定9.1.3.6 其他构树方法9.1.3.7 不同构树方法的评估和比较9.1.3.8 系统发育树的检验9.2 遗传多维尺度分析9.3 主成分分析9.4 群体遗传学分析9.4.1 群体遗传多样性指数分析9.4.2 核苷酸配对差异分析与中性检验9.4.3 分子差异分析9.4.4 基因混合度计算第10章 古DNA研究常用软件10.1 引物设计10.1.1 引物设计原则10.1.2 PrimerPremier软件10.2 从测序图谱到DNA序列——Chromas软件的应用10.2.1 文件输入及导出10.2.2 图谱的编辑及序列查找10.3 序列检索10.3.1 相似性检索10.3.2 相关序列的下载10.4 DNA序列的比对及排序——Clustal软件的应用10.4.1 序列输入10.4.2 编辑比对序列10.4.3 多重序列比对10.4.4 构建系统树10.5 分子系统树的构建及检验与Phylip软件包的使用10.5.1 Phylip软件包输入数据的格式10.5.2 用Phylip软件包构建系统发育树10.6 Mega软件包在分子系统学中的应用10.6.1 Mega数据的输入10.6.2 数据文件的导入10.6.3 序列特殊信息的浏览和输出10.6.4 序列的分组10.6.5 序列的组成成分统计10.6.6 遗传距离的计算10.6.7 系统发育树的构建及检验10.6.8 多重序列比对10.7 Arlequin软件包在分子系统学中的应用10.7.1 Arlequin软件包输入数据的格式10.7.2 Arlequin软件包操作界面简介及数据输入10.7.3 遗传多样性指数菜单10.7.4 中性检验菜单10.7.5 遗传结构分析菜单10.8 Network软件与中介网络图的构建10.8.1 Network软件输入数据及其格式10.8.2 中介网络图的构建10.8.3 绘制中介网络图10.8.4 Network软件操作技巧10.9 SPSS软件与遗传多维尺度分析及主成分分析10.9.1 SPSS数据输入10.9.2 SPSS与遗传多维尺度分

<<分子考古学导论>>

析10.9.3 SPSS与主成分分析

<<分子考古学导论>>

章节摘录

插图：

## <<分子考古学导论>>

### 编辑推荐

《分子考古学导论》由科学出版社出版。



<<分子考古学导论>>

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>