

<<遗传学工作者的生物信息学>>

图书基本信息

书名：<<遗传学工作者的生物信息学>>

13位ISBN编号：9787030254900

10位ISBN编号：7030254902

出版时间：2009-10

出版时间：科学出版社

作者：迈克尔 R.巴恩斯

页数：439

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>

<<遗传学工作者的生物信息学>>

前言

诞生于20世纪80年代的生物信息学是伴随基因组研究而产生的一门新学科，它综合运用数理科学、计算机科学和生物学工具，对基因组相关信息进行获取、加工、储存、分配、分析和解释。具体地说，生物信息学是把基因组DNA序列信息分析作为源头，找到基因组序列中代表蛋白质和RNA基因的编码区；同时，阐明非编码区的信息实质，破译隐藏在DNA序列中的遗传语文规律。

进入21世纪以来，基因组研究得到了深入与广泛的发展，生物信息学也成为归纳、整理与基因组遗传语文信息释放及其调控相关的转录组、蛋白组、代谢组等组学信息，应用系统生物学的方法认识生物体代谢、发育、分化、进化以及疾患发生规律的不可或缺的工具。

由丁卫等医学工作者翻译的迈克尔R.巴恩斯著的《遗传学工作者的生物信息学》是一本专门为遗传学工作者了解生物信息学的概念、掌握生物信息学的方法并应用于实际问题而写的书。其内容翔实且系统，既有基本概念、算法、软件与数据库，也有对新进展的介绍，为遗传学工作者学习与应用生物信息学提供了很好的机会。

生物信息学是一门很有用的学问，所有与基因组相关的研究都离不开它。生物信息学也是一门发展十分迅速的学科，不紧密跟踪就不能及时、全面地掌握它。希望不断有更多、更新的生物信息学的著作出现，为广大科技工作者、教育工作者提供丰富的资源。

<<遗传学工作者的生物信息学>>

内容概要

本书由五部分共19章组成，第一部分主要介绍了遗传学工作者所面临的生物信息学挑战以及遗传数据的操作和管理；第二部分主要介绍了以人类单体型图谱计划(HapMap)、人类基因组学和比较基因组学等为代表的多元化数据；第三部分主要介绍了用于遗传学研究设计和分析的生物信息学策略和手段；第四部分重点介绍了基因分析与疾病的关联及其代表案例；第五部分介绍了利用数据库界面进行全面生物信息学系统分析的流程，其中覆盖了微阵列等一些非常实用的技术，并且就药物遗传学等前沿领域展开了前瞻性的论述。

本书适合统计学和群体遗传学专业，以及具有分子遗传学和医学遗传学背景的高等院校师生和科研人员阅读，对从事人类及模式生物研究的广大实验室研究人员、临床研究人员以及实验室负责人都有较大的参考意义。

<<遗传学工作者的生物信息学>>

书籍目录

中译本序译者序原书序前言原书作者生物信息学词汇表第一部分 遗传学工作者的生物信息学绪论 1 遗传学工作者面临的生物信息学挑战 1.1 引言 1.2 生物信息学在遗传学研究中的作用 1.3 后基因组时代的遗传学 1.4 结论 参考文献 2 遗传学数据的管理和处理 2.1 引言 2.2 基本概念 2.3 数据输入和存储 2.4 数据处理 2.5 代码实例 2.6 资源 2.7 总结 参考文献第二部分 掌握基因、基因组和遗传变异数据 3 HapMap——人类基因组的单体型图谱 3.1 引言 3.2 数据访问 3.3 HapMap数据在关联研究中的应用 3.4 未来展望 参考文献 4 人类基因组 4.1 引言 4.2 基因组序列拼接 4.3 远程的注释：概要 4.4 更为细致和人性化的注释：细节 4.5 注释：下一代 参考文献 5 基因的发现、定义和分析 5.1 引言 5.2 在全基因组时代为什么要学习预测和分析基因？ 5.3 基因产物的证据链 5.4 基因模型复杂性的处理 5.5 人类基因组中已知基因的定位 5.6 基因组门户网站检查 5.7 新基因的分析 5.8 结论和展望 参考文献 6 比较基因组学 6.1 引言 6.2 基因组全貌 6.3 概念 6.4 实际应用 6.5 技术 6.6 应用 6.7 挑战和未来的方向 6.8 结论 参考文献第三部分 用于遗传学研究设计和分析的生物信息学 7 单基因疾病突变的鉴定 7.1 引言 7.2 临床确认 7.3 单基因疾病的全基因组定位 7.4 单基因疾病突变的种类 7.5 考虑表观遗传学在孟德尔性状中的作用 7.6 总结 参考文献 8 从基因组扫描中发现致病基因 8.1 引言 8.2 理论和应用的注意事项 8.3 基因座精细定位和候选基因鉴定的逐步法 8.4 结论 8.5 本章提及的软件工具和网页链接列表 参考文献 9 整合遗传学、基因组学和表观基因组学来鉴定疾病基因 9.1 引言 9.2 处理人类基因组序列(草图) 9.3 用基因组信息分析目的基因座 9.4 基于计算机的IBD5基因座定性——一个案例研究 9.5 把生物学功能连接起来——假设建立 9.6 潜在功能性多态性的鉴定 9.7 结论 参考文献 10 统计遗传学工具 10.1 引言 10.2 连锁分析 10.3 关联分析 10.4 连锁不平衡 10.5 实验杂交数量性状基因座的定位 10.6 结束语 参考文献 第四部分从关联的基因到疾病等位基因 11 概述：多态性的功能预测分析 11.1 引言 11.2 多态性预测功能分析的原则 11.3 对启动子区和调节元件的解析 11.4 基因的解析 11.5 假基因和调节性mRNA 11.6 核苷酸序列中新调节元件和模序的分析 11.7 非同义编码多态性的功能分析 11.8 遗传变异功能分析的集成工具 11.9 进一步实验研究中对基于计算机的预测进行优先次序区分时的注意事项 11.10 结论 参考文献 12 基因调控多态性的电算功能分析 12.1 引言 12.2 调节区的预测 12.3 转录因子结合位点的建模和预测 12.4 预测调控剪接的调控元件 12.5 评价调控多态性在功能上的重要性 参考文献 13 氨基酸特性与氨基酸置换的后果 13.1 引言 13.2 与氨基酸行为有关的蛋白质特征 13.3 氨基酸的分类 13.4 氨基酸的特性 13.5 氨基酸资料快览 13.6 突变如何影响功能的研究 13.7 思考过程的总结 参考文献 14 非编码RNA的生物信息学 14.1 引言 14.2 非编码RNA(ncRNA)领域 14.3 ncRNA的计算分析 14.4 -在疾病中ncRNA的变异 14.5 评定ncRNA变异的影响 14.6 支持小ncRNA分析的数据资源 14.7 结论 参考文献 第五部分在遗传学和基因组数据界面的分析 15 什么是微阵列？ 15.1 引言 15.2 微阵列技术应用的原则 15.3 微阵列分析的补充方法 15.4 数据存储库和研究数据库的区别 15.5 免费研究数据库软件包的说明 参考文献 16 数量遗传性状与基因表达数据的结合 16.1 引言：内表型的遗传调节 16.2 作为复杂表型的转录产物丰度 16.3 遗传学分析和微阵列定位模型的放大 16.4 遗传关联分析 16.5 系统遗传学分析 16.6 应用表达QTL鉴定调节复杂表型的候选基因 16.7 结论 参考文献 17 生物信息学与肿瘤遗传学 17.1 引言 17.2 肿瘤基因组 17.3 肿瘤遗传学的研究方法 17.4 肿瘤遗传学的通用资源 17.5 肿瘤基因与突变 17.6 肿瘤中基因拷贝数的改变 17.7 肿瘤中杂合性的丢失 17.8 肿瘤基因表达数据 17.9 多平台的基因靶点鉴定 17.10 肿瘤表观遗传学 17.11 肿瘤建模 17.12 结论 参考文献 18 大海捞针？ 50万个SNP基因组扫描结果的处理 18.1 引言 18.2 基因组扫描分析的问题 18.3 超高密度的基因组扫描技术 18.4 基因组扫描分析的生物信息学 18.5 结论 参考文献 19 药物发现与开发中遗传学的生物信息学前景 19.1 引言 19.2 靶标遗传学 19.3 药物遗传学(PGx) 19.4 结论：迈向“个性化医学” 参考文献附录 IUPAC核苷酸模糊密码 IUPAC氨基酸密码 人密码子使用表附录 氨基酸替换矩阵 所有蛋白质类型 细胞外蛋白质 细胞内蛋白质 穿膜蛋白质索引

<<遗传学工作者的生物信息学>>

章节摘录

1.2生物信息学在遗传学研究中的作用 目前,生物信息学的主要功能是有效地解释遗传学和基因组信息以及大多数其他生物学信息,这使得生物信息学技术成为遗传学效能的先决条件。

生物信息学技术并不神秘,只要有正确的生物信息学工具,并且具有勤学好问的精神和实验中吃苦耐劳的态度(任何科学工作者、生物信息学工作者的最必要条件),就能够在很短的时间内获得处理生物信息学信息的信心和能力。

本书的目的不是对生物信息学进行详尽的介绍(另外的教材会去完成这个任务),而是主要作为一种专门的指南,帮助人类遗传学工作者在互联网上找到一些最好的工具和数据库,即将基因与疾病和遗传性状联系起来。

在本章中,我们简要介绍生物信息学在人类遗传学中发挥较大作用的许多过程,详细情况参阅后面的章节。

1.2.1理解遗传性状 理解一种遗传性状的过程通常包括三个阶段:第一阶段,识别疾病的状态或症状,包括其遗传特性的评定;第二阶段,相关多态性或突变的发现和定位;第三阶段,阐明引起疾病表型的生物化学/生物物理机制。

每一步都需要进行不同程度的实验研究和数据分析(通常使用生物信息学的方法),实验研究和数据分析这两种活动是互补的,没有生物信息学分析的实验室工作是徒劳的、效率低下的,同样,没有实验室工作的生物信息学也是毫无结果的。

事实上,这两个学科其实就是一个学科,遗传学和基因组学产生数据,生物信息学能够做到有效的数据存储、访问和分析,它们共同发挥作用,最有效地表现了遗传学研究的现状。

1.3后基因组时代的遗传学 从最广义上讲,遗传学研究过程中的生物信息学涵盖以下方面:

(1) 知识管理和扩充; (2) 信息管理、整合和挖掘; (3) 基因、基因组和遗传变异信息的掌握; (4) 遗传学研究的设计和分析; (5) 功能的确定(从候选基因过渡到疾病等位基因); (6) 遗传学和基因组学信息界面的分析。

这些分类十分普通,可用于大多数的生物学领域,同样也适用于遗传学。

遗传学和生物信息学基本上都是提出正确的问题、产生并检验假说、组织和解释大量的信息来查明生物学现象这样一个过程。

<<遗传学工作者的生物信息学>>

编辑推荐

一书尝试描述鉴定人类遗传决定因子所需要的主要生物信息学和遗传学过程,《遗传学工作者的生物信息学(原书第2版)》是学术研究和工业研究两个领域专家实践的结晶,应当能够引起许多读者的兴趣,包括从事人类遗传学工作的学生、研究人员和临床医生。

- 《遗传学工作者的生物信息学(原书第2版)》50%以上的章节是完全新写成的,涵盖了数据操作和管理、Hap Map、小RNA、比较基因组学、表观遗传学、肿瘤遗传学、基因表达的遗传学分析、高密度基因组扫描分析、药物遗传学和药物发现。

- 《遗传学工作者的生物信息学(原书第2版)》在基因和基因组定性、通路分析、SNP功能分析和统计遗传学的核心领域,进行了大幅度的改写。

- 内容重点集中在免费的生物信息学分析工具和基于网络的生物信息学方法,同样适合于初学者和有经验的研究人员。

- 《遗传学工作者的生物信息学(原书第2版)》是唯一一本专门针对满足遗传学工作者对生物信息学需求的书。

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>