

<<生物信息学分析实践>>

图书基本信息

书名：<<生物信息学分析实践>>

13位ISBN编号：9787030278319

10位ISBN编号：7030278313

出版时间：2010-6

出版时间：科学

作者：吴祖建//高芳銮//沈建国

页数：222

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>

<<生物信息学分析实践>>

前言

随着计算机科学、信息科学等飞速发展，一门以数据分析处理为本质的新学科——生物信息学悄然兴起，它融合了数学、生命科学、计算机信息科学等多门学科，至今已经广泛地渗透到科学研究的各个方面，成为一门用途极为广泛的工具学科。

核酸序列、蛋白质序列的分析，以及各类生物学软件和数据库的应用，已经成为科研作者必备的基本技能。

然而，由于擅长专业领域的不同，研究人员面对大量的生物学软件及数据库常无所适从。

目前国内外已有不少优秀的生物信息学教材与专著，但大多数以理论为主，或侧重于算法研究，或倾向于网络数据库介绍，对于数据实例分析实践的专著尚不多见。

为此，本书编写的目的就是为不同专业背景的读者提供一本实用的生物信息学分析入门书，让读者在实例分析的过程中，不仅学会工具软件的操作使用，更能学会思考与解决科研问题。

2008年夏，在福建农林大学植物病毒研究所的倡议下，编著者通过基因酷等论坛，向在生物信息学及相关领域教学与科研第一线的人员发出邀请，希望他们加入《生物信息学分析实践》编委会，共同编写本书。

很快，中国科学院遗传与发育生物学研究所乔楠和刘林川、中国科学院南京地质古生物研究所盖永华、南京师范大学生命科学学院李鹏、西北农林科技大学林文超、福建省出入境检验检疫局沈建国、浙江省农业科学院鹿连明、南方医科大学郭玲等欣然同意共同编写本书。

本书由吴祖建、高芳銮、沈建国担任主编。

<<生物信息学分析实践>>

内容概要

本书内容主要包括生物信息学简介、三大数据库检索、引物设计及测序结果分析、核酸序列分析、蛋白质序列分析、蛋白质空间结构预测、系统发育分析、RNA分析、参考文献管理。

本书的一大特色在于丰富的实例和图表，使读者可以很直观地了解 and 掌握书中的内容。

本书取材新颖，实践性强，是一本实用的生物信息学分析手册与操作指南，适用于生命科学、农学、医学等相关专业学生使用，也可用于从事生物学相关的科研人员、教师参考使用。

书籍目录

序前言第一章 生物信息学简介 1.1 生物信息学基础 1.1.1 什么是生物信息学 1.1.2 生物信息学的形成与发展 1.1.3 生物信息学的研究内容 1.2 生物信息学应用 1.2.1 生物信息学的热点领域 1.2.2 信息技术与生物信息学第二章 数据库检索 2.1 综合性数据库NCBI 2.1.1 NCBI简介 2.1.2 NCBI数据库介绍 2.1.3 Entrez简介 2.1.4 Entrez检索实例 2.2 综合性数据库EMBL-EBI 2.2.1 EBI简介 2.2.2 EBI数据库简介 2.2.3 SRS简介 2.2.4 SRS检索实例 2.2.5 BioMart简介 2.2.6 BioMart检索实例 2.3 UCSC基因组浏览器 2.3.1 UCSC基因组浏览器简介 2.3.2 UCSC基因组浏览器检索实例第三章 引物设计及测序结果分析 3.1 引物设计 3.1.1 概述 3.1.2 常规PCR引物设计实例分析 3.1.3 简并引物设计 3.2 测序结果分析 3.3 序列拼接实例分析第四章 核酸序列分析 4.1 常规分析 4.1.1 核酸序列的检索 4.1.2 核酸序列组分分析 4.1.3 序列变换 4.1.4 限制性酶切分析 4.2 比对分析 4.2.1 BLAST比对 4.2.2 双序列比对 4.2.3 多序列比对 4.3 基因结构识别 4.3.1 ORF识别及其可靠性验证 4.3.2 启动子及转录因子结合位点分析 4.3.3 重复序列分析 4.3.4 CpG island 4.3.5 3'UTR区第五章 蛋白质序列分析 5.1 蛋白质序列的基本性质分析 5.1.1 理化性质分析 5.1.2 疏水性分析 5.1.3 跨膜区分析 5.1.4 信号肽预测 5.1.5 Coil区分析 5.1.6 亚细胞定位 5.2 结构域分析及motif搜索 5.2.1 结构域分析 5.2.2 motif搜索 5.3 空间结构预测 5.3.1 蛋白质二级结构预测 5.3.2 蛋白质三级结构预测 5.3.3 蛋白质结构预测方法评价 5.4 抗原表位预测分析 5.4.1 B淋巴细胞抗原表位预测分析 5.4.2 T淋巴细胞抗原表位预测分析第六章 分子进化与系统发育分析 6.1 进化的分子基础 6.1.1 进化树与分子系统学 6.1.2 相似性与同源性 6.1.3 分子进化 6.2 系统发育分析 6.2.1 DNA和氨基酸序列的进化演变 6.2.2 系统发育树的种类 6.2.3 用于系统发育分析的分子标记选择 6.2.4 常用的构树方法及其甄选 6.2.5 系统发育分析常用软件 6.3 系统发育分析的检验 6.3.1 系统发育分析方法可靠性的评价 6.3.2 系统树的误差分析及消除方法 6.4 系统树的评估 6.5 系统发育分析实例 6.5.1 使用MEGA软件重建NJ树 6.5.2 使用PAUP软件重建NJ树 6.5.3 使用MEGA软件重建MP树 6.5.4 使用PAUP软件重建MP树 6.5.5 使用PAUP软件重建ML树 6.5.6 贝叶斯树第七章 RNA分析 7.1 RNA简介 7.1.1 RNA的结构 7.1.2 RNA的功能 7.1.3 RNA研究进展与展望 7.2 RNA二级结构 7.2.1 RNA的二级结构概述 7.2.2 RNA二级结构的预测方法 7.2.3 RNA结构预测实例分析 7.3 高效siRNA的设计 7.3.1 RNAi的作用机制 7.3.2 siRNA的设计原则 7.3.3 影响RNAi的其他因素 7.3.4 siRNA的设计步骤 7.3.5 siRNA的合成 7.3.6 siRNA干涉效果的评判 7.3.7 siRNA相关数据库介绍 7.3.8 siRNA设计实例分析 7.4 microRNA分析 7.4.1 microRNA作用机制概述 7.4.2 miRNA功能与研究方法 7.4.3 miRNA生物信息学分析 7.4.4 miRNA及其靶基因预测的实例分析主要参考文献及网址附录 附录1 常用生物学数据库 附录2 各种主要的RNA二级结构预测软件比较 附录3 名词解释彩图

章节摘录

人类基因组计划的目的是解码生命、了解生命的起源、了解生命体生长发育的规律、认识种属之间和个体之间存在差异的起因、认识疾病产生的机制以及长寿与衰老等生命现象、为疾病的诊治提供科学依据。

人类基因组计划的完成，为人类生命科学开辟了一个新纪元，它对生命本质、人类进化、生物遗传、个体差异、发病机制、疾病防治、新药开发、健康长寿等领域，以及对整个生物学都具有深远的影响和重大的意义，标志着人类生命科学一个新时代的来临。

2.人类蛋白质组计划事实上，HGP的正式完成只意味着迈出了万里长征的第一步，仅仅测绘出基因组序列并非这一计划的最终目的，也并不能解决困扰生物学家的所有难题。

要想进一步了解生物世界的更多信息就必须对基因编码产物——蛋白质进行系统深入的研究。

针对这一重大的科学命题，多国科学家共同组织启动了人类蛋白质组计划（human proteome project，HPP）。

早在20世纪90年代中期人类基因组计划成形时，就有研究人员考虑过人类蛋白质组计划，但由于蛋白质组的规模和复杂性而一直没能实现。

随着基因大规模测序的结束，科学家们发现蛋白质编码基因比估计数量大大减少。

过去预测的数量是5万~10万个，而现在认为只有约2.1万个，这使得人类蛋白质组的规模变得更容易处理。

基因组计划中所积累的技术方法与合作体系也使得蛋白质组计划得以实现，这是继国际人类基因组计划之后的又一项大规模的国际性科技工程，无论在科学目标、研究策略、技术体系，还是在跨国组织、实验数据整合分析等方面，均较人类基因组计划更具挑战性和复杂性。

首批行动计划包括中国科学家牵头的“人类肝脏蛋白质组计划”和美国科学家牵头的“人类血浆蛋白质组计划”。

由于中国在蛋白质研究方面的雄厚实力，HPP将总部设在中国北京，其中“人类肝脏蛋白质组计划”由中国科学家领导执行，这是我国科学家第一次领导执行重大国际科技协作计划。

<<生物信息学分析实践>>

编辑推荐

写法特点：原理、方法、操作相结合，从基础理论出发，循序渐进，以渐进式实例引导读者学习，适时阐述文中要点，让读者在实例中巩固理论基础。

实例特点：实例取材自科研第一线背景的素材，实践性强，覆盖面广，让读者在实例分析的过程中，不仅学会工具软件的操作使用，更能学会思考与解决问题。

操作演示：渐进式的实例演示，图文并茂，简单易学，花几分钟即可学会一个实例。对于生物信息学初学者或从事生命科学领域的科研工作者具有一定的指导意义。

<<生物信息学分析实践>>

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>