

<<新一代基因组测序>>

图书基本信息

书名：<<新一代基因组测序>>

13位ISBN编号：9787030330079

10位ISBN编号：7030330072

出版时间：2012-1

出版时间：科学

作者：M.贾尼特

页数：228

译者：薛庆中

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>

<<新一代基因组测序>>

内容概要

与传统测序技术相比,新一代测序(NGS)技术具有超高速、高通量、低成本和高效益的强大优势;这种新兴技术的研发和新一代测序平台的建立对基因组研究、人类健康和社会认知都产生了重大影响,是当今前沿科学发展最为迅猛的领域。

全书包括5个部分18章。

第一部分和第二部分分别概述了传统的Sanger

DNA测序和新一代测序平台的工作原理、方法和特点;第三部分剖析了困扰测序技术瓶颈及其解决方案;第四部分介绍了测序的商业化应用和新兴的测序平台;第五部分探讨了新一代测序技术在基因组学研究中的广泛应用。

本书由参与NGS技术开发和应用的研究人员和发明家撰写,是全球第一本介绍新一代DNA测序技术的书。

可作为高等院校生物学、医学、农学等领域的师生和研究人员学习参考用书,也对希望了解个人基因组信息、个性化医疗、伦理学等问题的读者有启迪和帮助作用。

<<新一代基因组测序>>

书籍目录

译者序

前言

第一部分 Sanger DNA 测序

1 Sanger DNA 测序

1.1 Sanger 测序的基础

1.2 人类基因组计划的未来

1.3 局限性以及未来的机会

1.4 生物信息学是关键

1.5 下一步将往哪里走

第二部分 新一代测序：通往个性化医疗

2 Illumina 基因组分析仪 系统

2.1 文库的制备

2.2 簇的创建

2.3 测序

2.4 配对末端读序列

2.5 数据分析

2.6 应用

2.7 结论

3 应用系统生物公司(ABI)sOLDTM 系统：基于连接的测序

3.1 引言

3.2 SOLIDTM 系统概述

3.3 SOLIDTu 系统应用

.....

第三部分 瓶颈：序列数据分析

第四部分 新兴测序技术

第五部分 新一代测序：真实地融合基因组分析

英汉对照词汇

彩图

<<新一代基因组测序>>

章节摘录

15.3 染色质免疫沉淀测序 (ChIP-seq) 方法 染色质免疫沉淀是从活细胞收集与感兴趣蛋白质特异性结合的DNA片段, 其过程可分为以下相对简单的3个(译者注: 原文写为5个)步骤。

第一步, 用典型的甲醛交联剂处理目标细胞或组织, 使蛋白质或DNA之间互相接触形成短的共价键。化合物在生物体内选择性的连接被及时固定, 非常适合捕捉短暂的转录因子结合的相互作用。

第二步, 用超声或涡旋的方法破碎细胞, 把DNA分子剪切到合适的大小。

第三步, 用抗体结合目标蛋白, 将与其相连的分子拉下来。

回收抗体, 洗去无抗体连接的蛋白质和松散的DNA。

通过高浓度盐和热处理可使甲醛产生交联逆转, 同时抗体结合被破坏。

通过以上三步高度富集到目标蛋白和体内结合的DNA序列。

当染色质免疫沉淀结合大规模平行测序时, 可用试剂盒或酚-氯仿提取液从混合物中分离提取DNA片段。

短DNA的平均长度取决于破碎细胞所使用的超声波或涡旋的波长和强度。

用琼脂糖凝胶电泳分离DNA片段, 切取含需要的部分。

通常DNA的长度为150 ~ 500bp。

交联后的一个有趣结果是检测到第二个蛋白质-蛋白质和蛋白质-DNA之间的相互作用位点。

靠近转录因子的蛋白质在用甲醛处理后会交联在一起, 随着转录因子一起被拉下来。

免疫沉淀的DNA片段分析时交联的DNA均被测序。

此方法创建了基因组多侧面的富集比对的读序列, 暗示存在第二种蛋白质-DNA相互作用位点。

对DNA的位点进一步分析却没有发现目标转录因子结合模体, 表明DNA-蛋白质之间的相互作用可能不是直接的。

分离组蛋白及其相连的DNA的过程中可省去染色质免疫沉淀中交联的步骤。

脑组织尸检时, 用一种微球菌核酸酶代替超声波或涡旋, 微球菌核酸酶消化细胞不会破坏组蛋白所在的核酸螺旋结构, 使得在整个染色质免疫沉淀过程中DNA都能牢固地继续缠绕在组蛋白上。

沉淀后, 用蛋白酶K处理可使组蛋白和DNA分离, 再用酚-氯仿提取。

尽管该方法不会使转录因子沉淀, 但却能明显简化组蛋白提取过程, 又不改变组蛋白的信号修饰。

用此方法研究组蛋白-DNA相互作用, 表明组蛋白-DNA相互作用和组蛋白的修饰是相对稳定的, 因此可以用在死亡30h捐献者脑组织前处理。

15.4 基于双脱氧标签Sanger测序 基于染色质免疫沉淀 (ChIP) 分析DNA或RNA的方法目前应用迟缓, 其主要原因在于此方法不能分辨大群体核苷酸片段特性。

而用基于双脱氧的Sanger毛细管测序法定量分析从单次染色质免疫沉淀实验获得的数百万个DNA片段又显得价格昂贵, 群体DNA片段的多样性也让这种方法变得更为复杂。

尤其对于大型哺乳动物基因组的研究更是如此。

现在已开发出几种高效分析序列和目标片段的方法。

虽然不可能对每一个片段进行双脱氧测序, 但是抽样检测可以得知整个集合的组成。

.....

<<新一代基因组测序>>

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>