

<<现代动物分类学导论>>

图书基本信息

书名：<<现代动物分类学导论>>

13位ISBN编号：9787030338068

10位ISBN编号：7030338065

出版时间：2012-3

出版时间：科学出版社

作者：谢强,卜文俊,王昕,郑乐怡

页数：232

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>

<<现代动物分类学导论>>

内容概要

正如人类社会在各方面的进步一样，科学技术各领域在近20年来所呈现出的面貌是加速发展而不只是发展，动物分类学也是如此。

虽然动物分类工作者并未普遍认为这个领域近年来发生了革命性的变化，但是各个方向上不同程度进展的总和却是惊人的。

如何使初学者能够更快地了解动物分类学的全貌与现状，并有效率地开展工作，这是一个挑战。

本书以“新技术为分类学所用”为原则，整理了动物分类学的传统内容，系统性地介绍了分子系统学等新技术方面的基本内容，同时非常重视这两部分内容之间的联系，并对一些重点内容展开论述。

本书可作为动物学相关专业的研究生和生物科学高年级本科生以及相关领域工作者的参考书。

<<现代动物分类学导论>>

书籍目录

- 序一
- 序二
- 前言
- 第一部分 动物分类学初步
- 第1章 动物分类学简史
 - 1.1 林奈之前
 - 1.2 林奈与布丰
 - 1.3 拉马克与居维叶及其他学者
 - 1.4 达尔文与华莱士
 - 1.5 迈尔与亨尼希
 - 1.6 分支分类学派、进化分类学派与数值分类学派
 - 1.7 今天的动物分类学
- 第2章 系统学的项目设计、样本采集与保存
 - 2.1 针对问题的形态特征或分子标记选取
 - 2.1.1 种群结构研究
 - 2.1.2 种间界限与种群间杂交研究
 - 2.1.3 高级阶元系统发育研究
 - 2.2 针对类群行为特点的采集方法
 - 2.2.1 采集策略
 - 2.2.2 采集方法
 - 2.3 针对个体结构特点的保存方法
- 第二部分 动物分类学的经典内容和 分类的新内容
- 第3章 《国际动物命名法规》第四版概述
 - 3.1 双名法及若干相关问题
 - 3.2 《法规》对于电子出版物的态度
 - 3.3 可用名
 - 3.4 优先权和有效名
 - 3.5 各阶元的名称构成及使用
 - 3.5.1 科级分类单元
 - 3.5.2 属级分类单元
 - 3.5.3 种级分类单元
 - 3.6 异名关系
 - 3.7 同名关系
 - 3.8 模式
 - 3.8.1 科级分类单元
 - 3.8.2 属级分类单元
 - 3.8.3 种级分类单元
 - 3.9 展望
- 第4章 动物分类学的经典工作内容
 - 4.1 鉴定
 - 4.2 描述、绘图和照相
 - 4.3 修订及新命名分类单元的记述
 - 4.4 阶元层级与分类系统
 - 4.5 检索表
 - 4.6 地理分布

<<现代动物分类学导论>>

第5章 形态学新技术的引入

- 5.1 数字化绘图
- 5.2 电子显微镜
- 5.3 激光共聚焦显微镜
- 5.4 微型断层扫描
- 5.5 几何形态学
- 5.6 全形态
- 5.7 分类学的网络化时代

第6章 无法统一的物种概念

- 6.1 生物学类的物种概念
- 6.2 生物学物种概念在现实中的困难
- 6.3 系统发育类的物种概念

第7章 分子鉴定:DNA条形码

- 7.1 标记的选定
- 7.2 鉴定的算法
- 7.3 结果的采用
- 7.4 BOLD数据库规范简介
 - 7.4.1 项目立项的规范
 - 7.4.2 数据提交的规范
- 7.5 DNA条形码能否助力谱系物种概念和谱系命名法规?
 - 7.5.1 谱系命名法规概述
 - 7.5.2 Barcoding、PSC和Phylocode
- 7.6 转基因生物与合成生物学

第三部分 生物地理学概述

第8章 物种形成:种群遗传和地理

- 8.1 种化方式与地理之间的关系
- 8.2 种群遗传分异与生态因素的协同
- 8.3 种群遗传动态

第9章 物种地理分布格局:地质与生态

- 9.1 物种分异与地质历史的协同
 - 9.1.1 第四纪及其之前的历史梗概
 - 9.1.2 第四纪冰期与间冰期
 - 9.1.3 人类的扩散迁移及其影响
- 9.2 阶元级别与分布格局形成机制的解释
 - 9.2.1 扩散理论
 - 9.2.2 泛生物地理学
 - 9.2.3 分支生物地理学
- 9.3 生态因子对物种分布的限制

第四部分 系统发育

第10章 系统发育系统学与分支分析

- 10.1 相似与同源
- 10.2 类群相关概念
- 10.3 特征相关概念
 - 10.3.1 性状选取与性状状态
 - 10.3.2 性状评价与性状加权
 - 10.3.3 性状的区分
- 10.4 树图相关概念

<<现代动物分类学导论>>

- 10.4.1 Hennig论证
- 10.4.2 简约原则与树长
- 10.4.3 树的搜索
- 10.4.4 树的合意
- 10.4.5 树的评价与检验
- 10.4.6 若干问题
- 10.5 主干种
- 10.6 分支图与分类系统
 - 10.6.1 Hennig的同等级别法
 - 10.6.2 Wiley等(1991)提出的三个规则
 - 10.6.3 9个约定
- 10.7 树的其他用途
- 10.8 分子系统发育
- 10.9 不同信息来源结果的整合
 - 10.9.1 古DNA和古蛋白质
 - 10.9.2 超级树
- 10.10 基于形态信息与基于分子信息的分支分析研究
- 第11章 分子系统学的实验部分
 - 11.1 核酸提取
 - 11.1.1 DNA的提取
 - 11.1.2 线粒体基因组的纯化分离
 - 11.1.3 RNA的提取
 - 11.2 PCR技术、纯化回收与克隆
 - 11.2.1 一般的PCR
 - 11.2.2 巢式PCR
 - 11.2.3 增效PCR
 - 11.2.4 TAIL-PCR
 - 11.2.5 反转录PCR
 - 11.2.6 长PCR
 - 11.2.7 纯化回收与克隆
 - 11.3 序列测定与拼接和申报
 - 11.3.1 Sanger法测序原理
 - 11.3.2 短片段直接测序
 - 11.3.3 高通量测序
 - 11.3.4 单分子测序
 - 11.3.5 序列拼接和申报
- 第12章 分子系统学的生物信息学部分
 - 12.1 序列数据库建立
 - 12.1.1 序列数据的收集
 - 12.1.2 标本信息与序列信息的整合
 - 12.2 序列格式与转换
 - 12.2.1 序列格式类型
 - 12.2.2 常用的转换软件
 - 12.3 线粒体基因组分析
 - 12.3.1 动物线粒体基因组简况
 - 12.3.2 蛋白质编码基因、rDNA和tRNA
 - 12.4 EST与核基因组分析

<<现代动物分类学导论>>

- 12.4.1 EST
- 12.4.2 核基因组
- 12.5 短片段序列比对
 - 12.5.1 短片段序列比对的一般方案
 - 12.5.2 空位的问题以及POY软件所做的比对
 - 12.5.3 蛋白质编码基因的手工比对
- 12.6 rRNA二级结构分析与应用
 - 12.6.1 RNA二级结构模型的手动构建
 - 12.6.2 RNA二级结构的热力学运算与结果合意
 - 12.6.3 tRNA的二级结构及应用
 - 12.6.4 rDNA内含子与长度变异区段
 - 12.6.5 基于rRNA二级结构的rDNA手工比对
 - 12.6.6 长度变异和插入缺失作为共有衍征
- 第13章 分子系统学的建树原则与算法
 - 13.1 最大简约法真的缺少模型么?
 - 13.1.1 最大简约法与优化式简约
 - 13.1.2 布莱默支持指数
 - 13.2 最大似然法与进化模型
 - 13.2.1 似然原则与最大似然法
 - 13.2.2 分子序列进化模型的类型
 - 13.2.3 碱基替换模型的确定
 - 13.2.4 rRNA二级结构中的碱基对替换模型
 - 13.2.5 氨基酸替换模型
 - 13.3 贝叶斯分析及其并行化
 - 13.3.1 实现贝叶斯分析的原理
 - 13.3.2 贝叶斯分析的并行化
 - 13.4 数据不相合性检测
 - 13.5 系统误差与随机误差
 - 13.6 一个老套却仍然现实的问题:联合还是合意?
- 第五部分 形态进化的分子系统学思考
- 第14章 分子钟与中性进化
 - 14.1 分子钟
 - 14.1.1 模型与检验
 - 14.1.2 在形态进化研究中的应用
 - 14.2 中性进化
 - 14.2.1 模型与检验
 - 14.2.2 在形态进化研究中的应用
- 第15章 进化发育:分子与形态之间的桥梁
 - 15.1 生物发生律与冯贝尔法则
 - 15.2 动物身体模式的建成
 - 15.3 与局部形态相关的基因
 - 15.4 无中生有:有希望的怪物
 - 15.5 有中生有:结构演化与新功能
 - 15.6 表观遗传
 - 15.7 个体发育与系统发育
 - 15.8 发育或形态特征作为共有衍征
 - 15.9 原位杂交简介

<<现代动物分类学导论>>

彩版

<<现代动物分类学导论>>

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>