

<<植物生物技术与农业>>

图书基本信息

书名：<<植物生物技术与农业>>

13位ISBN编号：9787030342911

10位ISBN编号：7030342917

出版时间：2012-7

出版时间：科学出版社

作者：（以）奥尔特曼 等编著

页数：611

字数：1014000

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>

<<植物生物技术与农业>>

内容概要

《植物生物技术与农业：展望21世纪（导读版）》首先向读者介绍了植物生物技术的背景知识和最新进展，当今遗传学、基因组学以及其他各种组学的研究状况，以及目前对于遗传工程的最新理解。其后的章节将介绍种质资源的改良和保存、植物育种、种子改良，以及孤雌生殖等方面的科技进展，这些内容都与农业和农业生物技术的短期和长期的成功密切相关，同时为读者深入理解后面关于新科技应用前景的章节提供背景知识。最后讨论了如何解决知识产权和社会学及食品安全等问题。

《植物生物技术与农业：展望21世纪（导读版）》内容由相关领域专家精心撰写，包括对取得成果的评述，新的植物生物技术方法、产品在促进经典植物科学和农业科学的发展和在作物及其产品改良上的应用前景，植物生物技术和实用农业技术之间彼此配合、相互促进、共同发展。

《植物生物技术与农业：展望21世纪（导读版）》可以作为植物生物学、农业科技、植物分子遗传学、植物育种、食品科学、生物材料科学等领域的研究者的参考用书，以及用作农业、植物、食品和生物技术领域研究生的教学辅助用书。

作者简介

Arie Altman Robert H. Smith Institute of Plant Sciences and Genetics in Agriculture Hebrew University of Jerusalem Rehovot, Israel Paul Michael Hasegawa Bruno C. Moser Distinguished Professor Horticulture and Landscape Architecture Department Purdue University West Lafayette, Indiana, USA

<<植物生物技术与农业>>

书籍目录

撰稿人

前言

序

植物生物技术简介2011：概况和在农业上的应用

第一部分 植物生物技术简介

1 作物驯化的遗传学和基因组学

1.1 植物和驯化

1.1.1 涉及领域

1.1.2 驯化过的作物

1.1.3 杂草

1.1.4 外来入侵物种

1.1.5 模式品种和作物科学

1.2 对驯化过程的了解

1.2.1 早期驯化过程的相关证据

1.2.2 驯化过程的相关基因

1.2.3 驯化和遗传变异

1.2.4 与物种的形成和遗传多样性相关的遗传控制

1.2.5 玉米的驯化过程

1.2.6 豆类作物的驯化过程

1.2.7 产量性状

1.3 驯化过程中产生的杂交种和新多倍体

1.4 驯化后的选择

1.4.1 作物性状的改良

1.5 新的驯化

1.5.1 驯化产生的品种

1.5.2 消亡的作物

1.5.3 树木和生物燃料

1.5.4 适应新需求的遗传学和育种学：生态系统服务

1.6 驯化作物基因组的特性

1.7 超级驯化过程

1.8 致谢

2 鸟瞰：生物技术的新天地

.....

第二部分 育种生物技术

第三部分 植物种质资源

第四部分 控制植物对环境的反应：非生物和生物胁迫

第五部分 利用生物技术改良农作物的产量性状和品质性状

英文索引

彩图

章节摘录

版权页：插图： Data pre-processing The first step for the data pre-processing procedure is to deconvolute the signals and detect the peaks under each deconvoluted signal. Figure 5.4 shows an example of a deconvoluted total ion chromatogram (TIC). Each colored peak underneath the TIC peak represents an individual ion detected at a similar time that can now be related to its accurate mass in the mass spectrum shown in Figure 5.4. A similar approach is taken when GC-MS data are deconvoluted; however, in that situation it is important to consider that each compound is represented by more than one ion due to the electron impact ionization process used in GC-MS. The next step is to distinguish between noise and the "real" signal from the sample. It is important to always run blank samples with each experiment (e.g., an empty tube treated the same as all other samples), because they will provide estimates of background noise that will be subtracted from experimental samples. The next process is to align all detected signals across all samples within an experiment to account for retention time shifts between runs. Most instrument vendors offer this capability in their instrument-specific software; however, this operation can also be performed using open-source software packages (e.g., XCMS, Smith et al., 2006; or MZmine, Katajamaa et al., 2006; for review see Katajamaa and Oresic, 2007). Normalization and data transformation Deconvolution, peak identification, and alignment result in a data matrix in table format, which then undergoes adequate normalization and subsequent transformation prior to statistical analysis. Depending on the properties of the data matrix different normalization procedures are applied for metabolomics data. Most biological data are characterized by heteroscedasticity (i.e., where the standard deviation of each metabolite determined in replicate samples changes with the mean of the signal; e.g., Arneberg et al., 2007; Herberich et al., 2010), which can substantially affect results (Kvalheim et al., 1994). Therefore, it is important to normalize data.

<<植物生物技术与农业>>

编辑推荐

《植物生物技术与农业:展望21世纪(导读版)》可以作为植物生物学、农业科技、植物分子遗传学、植物育种、食品科学、生物材料科学等领域的研究者的参考用书，以及用作农业、植物、食品和生物技术领域研究生的教学辅助用书。

<<植物生物技术与农业>>

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>