

<<比较基因组学手册>>

图书基本信息

书名：<<比较基因组学手册>>

13位ISBN编号：9787122020857

10位ISBN编号：7122020851

出版时间：1970-1

出版时间：化学工业出版社

作者：C.萨科内 (Cecilia Saccone) G

页数：389

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>

<<比较基因组学手册>>

内容概要

《比较基因组学手册：原理与方法》是一本实用的工具书，涵盖了比较功能基因组学这个新兴领域中的基础知识和应用实例。

《比较基因组学手册：原理与方法》撰写中注重介绍以下内容：比较基因组学的概念和方法；基因组学和基因表达分析的基本原理；比较分析的生物学方法；基因组学和转译组学的分析方法；丰富的网络资源。

<<比较基因组学手册>>

书籍目录

上篇 基因组特性第1章 原核生物1.1 引言1.2 形态和分类1.3 基因组的形状和大小1.4 基因数目和组成方式1.5 碱基组成1.6 密码子的使用1.7 复制和表达第2章 真核生物2.1 引言2.2 真核生物的分类与时间尺度2.3 基因组的形状和大小2.4 碱基组成2.5 复制、修复和重组2.6 基因表达2.6.1 转录与转录后调控2.6.2 遗传密码和密码子的使用2.6.3 翻译与翻译后修饰2.7 完整测序的真核生物基因组2.7.1 酿酒酵母基因组2.7.2 粟酒裂殖酵母基因组2.7.3 线虫基因组2.7.4 黑腹果蝇基因组2.7.5 拟南芥基因组2.7.6 水稻基因组2.7.7 人基因组第3章 细胞器3.1 线粒体3.1.1 一般结构和功能3.1.2 DNA与遗传系统3.1.3 基因组的特征3.2 叶绿体和其他质体中篇 方法学第4章 基因组学中的分子生物学技术4.1 基因组DNA测序4.1.1 DNA测序技术4.1.2 人类基因组计划4.2 转录组分析4.2.1 基因表达分析4.2.2 表达序列标签4.2.3 基因表达序列分析4.2.4 差异显示4.2.5 表现度示差分析4.2.6 DNA微阵列4.3 蛋白质组分析4.3.1 二维凝胶电泳4.3.2 蛋白质鉴定4.3.3 蛋白质-DNA和蛋白质-蛋白质相互作用的研究4.3.4 生物芯片法分析蛋白质组第5章 基因组时代的生物学数据库5.1 引言5.2 基础数据库和专业化的数据库5.3 数据库结构5.4 数据库链接与互通性5.5 数据库注释5.6 检索系统5.6.1 SRS5.6.2 Entrez5.6.3 其他检索系统5.7 核酸数据库5.8 蛋白质数据库5.9 其他蛋白质数据库5.10 基因组数据库和资源5.11 基因数据库与资源5.12 转录组数据库5.13 代谢组数据库5.14 突变数据库5.15 线粒体数据库和资源第6章 基因组序列分析的计算方法6.1 引言6.2 点阵图6.3 两序列比对6.3.1 Needleman-Wunsch全局比对算法6.3.2 Smith-Waterman算法6.3.3 cDNA以及基因组DNA序列的比对6.3.4 基因组比对6.3.5 清除序列库中的冗余序列6.3.6 同源序列相似度的计算6.4 数据库搜索6.4.1 FASTA6.4.2 BLAST6.4.3 BLAST和FASTA程序包6.4.4 过滤不需要的序列匹配6.4.5 重复序列匹配的过滤6.4.6 比对分值的统计学意义6.5 多序列比对6.6 可识别远源相关蛋白或蛋白质模块的比对谱6.7 序列的组装方法6.7.1 序列的净化6.7.2 序列的聚类6.7.3 构建一致序列6.7.4 用电子PCR绘制序列图谱6.7.5 基因组和EST项目的序列组装6.7.6 构建用于基因索引的组装序列6.8 生物序列的语言学分析6.8.1 马尔可夫链式生物序列6.8.2 生物序列语言的复杂度6.8.3 基因组重复序列的识别6.8.4 生物序列中的模式搜索6.8.5 识别染色体序列中的启动子区域6.8.6 发掘识别基因调控元件和蛋白质模块组件的模式6.8.7 基因预测6.8.8 基因组序列中CpG岛的识别6.8.9 密码子使用策略分析6.9 RNA二级结构预测6.10 蛋白质序列分析6.10.1 蛋白质一级序列的分析6.10.2 预测跨膜蛋白螺旋6.10.3 蛋白质信号肽的识别及亚细胞定位的预测6.10.4 蛋白质二级结构的预测6.10.5 预测卷曲螺旋和螺旋-转角-螺旋结构6.10.6 蛋白质三级结构预测6.10.7 蛋白质折叠的识别与分类6.10.8 蛋白质功能预测的基因组比较工具6.11 进化与系统发育分析6.11.1 同源序列间遗传距离的评价6.11.2 分子系统发育学下篇 比较基因组学第7章 分子进化7.1 引言7.2 基因组尺寸的进化7.3 碱基组成在进化中的作用7.4 原核基因组的进化7.5 从原核生物到真核生物7.5.1 真核细胞的起源7.5.2 线粒体基因组的进化7.5.3 质体的起源与进化7.6 从单细胞到多细胞7.7 核基因组的进化7.7.1 内含子7.7.2 基因数目和蛋白质数目7.7.3 非编码元件7.7.4 基因家族的扩展7.7.5 基因组倍增7.7.6 结论第8章 分子系统发育学8.1 引言8.2 分子钟8.3 相似性测量：直系同源与旁系同源8.4 基因组学时代的分子系统发育学8.5 远源物种间的相互关系：进化树8.6 后生动物的系统发育8.6.1 细胞器分类学与核分类学8.6.2 哺乳动物系统发育附录 本书引用的URL参考文献索引译后记

<<比较基因组学手册>>

编辑推荐

《比较基因组学手册：原理与方法》对于生物医学、药学等相关领域的研究人员也有阅读参考价值。从事遗传学、分子生物学、发育生物学和进化生物学的研究工作的高校师生及其他研究人员，从书中可以获悉各类基因组的重要特征以及许多很实用的基因组学实验方法。

<<比较基因组学手册>>

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>