

<<水产基因组学技术>>

图书基本信息

书名：<<水产基因组学技术>>

13位ISBN编号：9787122097743

10位ISBN编号：7122097749

出版时间：2011-4

出版时间：化学工业出版社

作者：[美]刘占江 主编

页数：360

字数：596000

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>

## <<水产基因组学技术>>

### 前言

人类基因组计划的完成让全世界为之振奋，也引发了一场基因组学革命。

伴随这场革命的是生命科学领域研究方式的完全改变；这场由基因组学引起的革命，也不例外地影响到水产基因组学和水产遗传学总体上的研究。

最近10年，在全世界还没有一个大规模的水产基因组测序计划！

1997年秋天，在曼彻斯特的达尔茅斯成立的第一个水产基因组工作小组，可能是水产基因组学官方主导的一个开端。

今天，有几个重要水产养殖物种的全基因组测序工作即将开始，这对水产养殖遗传学家、育种工作者、渔业管理人员等提出了新的挑战，那就是如何最有效地利用目前已有的大量基因组数据信息，如何在水产养殖和渔业上管理和运用迅速发展的基因组技术。

本书目的是为将来的水产养殖和渔业科学家介绍基因组技术，也为农业科学专业的学生提供合适的参考书。

写这本书，有这样几个紧迫的原因。

首先，你很容易找到有关基因组学的书籍，但很难发现非常详尽介绍基因组学技术概念和基本原理的书籍。

本人的学术背景是农业，但我近年来主要从事基础基因组学的研究，本人的经验，加上为研究生讲授农业基因组学课程的经历，使我能有效地抓住基因组学的关键问题，即对基因组技术的理解是必需的，假如能对基因组技术的基本原理有非常清楚的解释，将会更加有帮助，因为许多学生没有系统地学习过分子生物学、遗传学、生物化学、生物信息学等。

其次，大多数基因组学书籍利用经典的模式动物来介绍纯粹的基因组学方法，没有考虑到基因组技术在某些实际情况下潜在的应用前景，在如何把基础的基因组学运用到人类健康研究之外的领域方面，亦存在严重的不足；本书详尽介绍了基因组技术以及这些技术在水产养殖和渔业上的应用。

最后，水产养殖和渔捞对象有其独特的生物学特性，目前的基因组技术需要适当的改进和调整以后才能更好地运用。

尽管本书没有任何章节是有关起源于水产养殖或渔捞对象的全新的基因组技术，但几乎每一章节都是介绍基因组技术在水产养殖和渔业或农业上的具体运用。

本书共分29章，分别由来自全世界的著名科学家撰写，他们在基因组学、水产养殖和渔业领域均富有经验，能从独特的角度探讨基因组技术。

这对于专业研究人员、研究科学家、农业专业的研究生和本科生、水产养殖和渔业专业的学生，将有最好的帮助。

本书主要关注水产养殖和渔业，也适合动物科学、家禽科学、农学、园艺学、昆虫学和植物病理学的学生。

我完全同意本书的一个作者，来自弗吉尼亚理工大学的Eric Hallerman博士写作本书时的感受，正如他在给我的电子邮件中写到的，“这章节最终成了非常必要的章节，我从写作中得到了比预期还要多的收获，我最终学到很多，这也是我同意参加的部分原因（教授学生是参加本书的主要动机）”。

是的，更加有效地教授学生同样也是我在准备此书漫长过程中的主要的动机和热情来源。

## <<水产基因组学技术>>

### 内容概要

本书云集了当前国际上从事水产动物基因组学研究的一线科学家，基于理论联系实际的原则，根据水产动物基因组的特点，详细介绍了基因组学各种技术及其原理，涵盖了水产动物基因组标记技术、基因组作图技术和全基因组测序技术等各个方面。

本书极具权威性和适应性，可作为水产养殖、动物育种、海洋生物技术、生物学等专业的教学用书，更是从事分子育种、海洋生物技术等研究人员必备的工具书。

本书极具权威性和适应性，可作为水产养殖、动物育种、海洋生物技术、生物学等专业的教学用书，更是从事分子育种、海洋生物技术等研究人员必备的工具书。

<<水产基因组学技术>>

作者简介

译者：鲍宝龙 王志勇 张士瑾 等 编者：（美国）刘占江

# <<水产基因组学技术>>

## 书籍目录

### 第1章 基因组和基因组学的概念

#### 第一篇 基因组标记

- 第2章 限制性片段长度多态性 (RFLP)
- 第3章 随机扩增多态性DNA (RAPD)
- 第4章 扩增片段长度多态性 (AFLP)
- 第5章 微卫星标记和标记效用的评价
- 第6章 单核苷酸多态性 (SNP)
- 第7章 等位酶和线粒体DNA标记
- 第8章 水产养殖中基于个体的基因型分析方法
- 第9章 应用DNA标记进行群体遗传学分析

#### 第二篇 基因组作图

- 第10章 水产生物的连锁作图
- 第11章 水产生物经济数量性状位点的检测与分析
- 第12章 水产生物的标记辅助选择
- 第13章 大片段细菌克隆文库的构建和应用
- 第14章 细菌人工染色体文库 (BAC) 为基础的水产基因组物理图的构建
- 第15章 利用BAC末端测序分析基因组物理特征
- 第16章 基因组概貌：基因组重复结构鉴定
- 第17章 应用荧光原位杂交分析基因组
- 第18章 水产生物的辐射性杂交作图
- 第19章 比较基因组学与定位克隆

#### 第三篇 基因组表达与功能分析

- 第20章 基于表达序列标签的转录组分析
- 第21章 基因芯片技术的基础知识：基本原理及在水产养殖业中的应用
- 第22章 鲑鱼DNA芯片技术及其他用于功能基因组学研究的方法
- 第23章 水域环境基因组学相关的大型数据集分析的計算性挑战
- 第24章 功能基因组学

#### 第四篇 全基因组测序的前期准备

- 第25章 DNA测序技术
- 第26章 全基因组测序
- 第27章 生物信息学

#### 第五篇 水产养殖动物基因组测序的特殊性

- 第28章 硬骨鱼类的重复基因组
- 第29章 双壳类基因组学：溜面临的复杂性、挑战及展望

#### 参考文献

## &lt;&lt;水产基因组学技术&gt;&gt;

## 章节摘录

版权页：插图：(2) 排除法由于似然法在开放系统中的缺点，一些研究者重新采用了排除分配法。排除法本质上是将每个可能亲本的基因型与子代进行比较，当在某一个位点上子代的两个等位基因亲本都不具备时，这个亲本就被排除，最后只有两个亲本基因型能被保留不被排除。

意思是说，只要有足够的位点，所收集的非亲本样品将最终在至少一个位点上被排除掉。

排除法有一些缺点。

就遗传信息而言排除法的代价非常高，绝大多数被排除的候选亲本都是根据很少的有效位点获得的低似然率加以排除的，由于每增加一个位点都将带来更多的判读错误（Jones & Ardren, 2003），显然很多基因型将包含至少一个错误，这种错误很容易引起应有分配的丧失，尤其当亲本基因型判读错误时

。一些研究者建议允许一定的误配，以避免上述问题。

然而，误配也可能来自真正的非亲本基因型，因此，这种不严谨的排除方法，在减少了错误排除率的同时，也增加了保留非亲本组合（即错误的分配）的概率。

在缺乏确切估计未采集亲本份额的资料的情况下，并不能对这两种错误孰大孰小进行简单的评估。

因此，选择容忍许多误配的做法是很主观的。

为减少由于排除法的严格性而导致的过度排除，有时会采用另一个办法，即对一个近乎完美匹配的基因型进行重新判读，其主要目的是看看如此之少的判读错误是否会分配丢失的原因。

尽管这个办法可能有一定意义，但它倾向于自我说服，并且经不起正确分析检验。

简单地说，排除法往往错过相当数量的真正亲本，不适合严格的正确率评估。

如果是基于一组信息量十分丰富的位点和极其准确的基因型，排除法将非常有效，但除了在法医学上之外，这两个条件通常很难同时得到满足。

## <<水产基因组学技术>>

### 编辑推荐

《水产基因组学技术》由化学工业出版社出版。

<<水产基因组学技术>>

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>