

<<生物信息学与功能基因组学>>

图书基本信息

书名：<<生物信息学与功能基因组学>>

13位ISBN编号：9787502583835

10位ISBN编号：7502583831

出版时间：2009-9

出版时间：化学工业出版社

作者：乔纳森·佩夫斯纳

页数：706

译者：孙之荣

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>

<<生物信息学与功能基因组学>>

内容概要

翻开《生物信息学与功能基因组学》，您将会情不自禁地沉浸于其中……《生物信息学与功能基因组学》内容全面，很好地将生物信息学与功能基因组学的理论和实践应用结合起来，非常重视生物信息学的具体应用技巧。

另外，《生物信息学与功能基因组学》还具有如下特色：作者权威。

《生物信息学与功能基因组学》作者是霍普金斯医学院教授，在国际上有很高的声誉和权威性。

实践性强。

每一章都有问题集、与生物信息学有关的web操作训练以及相应的web链接，还列出了可以免费获取的生物信息学软件和作者推荐的读物。

范例典型。

书籍目录

第1篇 数据库中的DNA、RNA和蛋白质序列的分析第1章 绪言1.1本书的结构1.2生物信息学：蓝图1.3一个贯穿本书的例子：视黄醇结合蛋白1.4章节的组织1.5对学生和教师的建议：Web练习和找基因1.6重要的生物信息学网址1.7推荐读物参考文献第2章 获取序列数据和文献信息2.1生物学数据库介绍2.2GenBank：收录几乎所有已知的核酸和蛋白质序列的数据库2.2.1序列数据的总量2.2.2GenBank中的物种数2.2.3GenBank存储的数据类型2.2.4表达序列标签 (ESTs)2.2.5序列标签位点 (STS)2.2.6基因组测序序列 (GSSs)2.2.7高通量基因组序列 (HTGS)2.3美国国家生物技术信息中心 (NCBI)2.3.1NCBI的介绍：NCBI的主页2.3.2索引号码：识别序列的标签2.3.3五种获取DNA和蛋白质序列的方法2.3.4如何进入序列数据的例子：HIV pol2.3.5获取生物医学文献2.4展望2.5常见问题2.6网络资源2.7讨论题2.8习题2.9自测题2.10推荐读物参考文献第3章 双序列比对3.1引言3.1.1蛋白质比对：通常比DNA比对具有更丰富的信息3.1.2同源性、相似性、一致性的概念3.1.3间隙3.1.4双序列比对、同源和生命的进化3.2Dayhoff模型：可接受点突变3.2.1PAM1矩阵3.2.2PAM250和其他PAM矩阵3.2.3从突变概率矩阵到对数比值打分矩阵3.2.4双序列比对中PAM矩阵的实际有用性3.2.5PAM矩阵的重要替代者：BLOSUM打分矩阵3.2.6双序列比对和检测限度3.3比对算法：全局和局部3.3.1全局序列比对：Needleman?Wunsch算法3.3.2局部序列比对：Smith?Waterman算法3.3.3Smith?Waterman算法的快速、启发式版本：FASTA和BLAST3.3.4局部比对搜索工具 (BLAST)3.4双序列比对的显著性：一致性百分比3.4.1双序列比对统计显著性检验3.4.2全局比对的统计显著性3.4.3局部比对的统计显著性3.5展望3.6常见问题3.7网络资源3.8问题讨论3.9问题3.10自测题3.11推荐读物参考文献第4章 局部比对搜索基本工具BLAST4.1引言4.2BLAST搜索步骤4.2.1步骤1：选定感兴趣的序列4.2.2步骤2：选择BLAST程序4.2.3步骤3：选择数据库4.2.4步骤4：选择参数4.3BLAST算法使用局部比对搜索的策略4.3.1BLAST算法组成部分：列表、扫描、延伸4.3.2BLAST算法：局部比对搜索的统计学和E值4.3.3用比特分数来说明原始分数的意义4.3.4BLAST算法：E值与P值间的关系4.3.5BLAST中的空位比对4.3.6将BLAST搜索进行到底4.4BLAST搜索的一些策略4.4.1一般性概念4.4.2BLAST搜索的原则4.5多结构域蛋白 (HIV?1 pol) 的BLAST检索4.6BLAST检索脂质运载蛋白：改变打分矩阵的作用4.7展望4.8常见问题4.9网络资源4.10讨论题4.11问题4.12自测题4.13推荐读物参考文献第5章 高级比对搜索5.1引言5.2专门的Blast比对网站5.2.1基于某些具体生物的比对网站5.2.2特定分子的比对搜索站点5.2.3专门的比对搜索服务器以及比对相关的算法5.3运用比对相似的工具快速地搜索基因组DNA序列5.4寻找远缘相关的蛋白质：位点特异性反复比对 (PSI?BLAST)5.4.1位点特异性反复比对的结果评估5.4.2位点特异性反复比对的错误：破坏的问题5.5模式识别BLAST (PHI?BLAST)5.6用BLAST来发现新基因5.7展望5.8常见问题5.9网络资源5.10问题讨论5.11问题5.12自测题5.13推荐读物参考文献第2篇 RNA和蛋白质的基因组层次上的分析第6章 基因表达的生物学方法6.1引言6.2mRNA：基因表达的研究对象6.3cDNA文库的基因表达分析6.3.1用cDNA文库解释表达数据的注意事项6.3.2TIGR基因索引6.4基因表达系列分析6.5微阵列：基因表达的全基因组测量6.5.1第一阶段：微阵列的实验设计6.5.2第二阶段：RNA的制备与探针制备6.5.3第三阶段：将标记后的样本和DNA微阵列杂交6.5.4第四阶段：图像分析6.5.5第五阶段：数据分析6.5.6第六阶段：生物学证实6.5.7第七阶段：微阵列数据库6.5.8第八阶段：深入分析6.6展望6.7常见问题6.8网络资源6.9问题讨论6.10习题6.11自测题6.12推荐读物参考文献第7章 基因表达：芯片数据分析7.1引言7.2芯片数据分析：预处理7.2.1全局归一化7.2.2散点分析7.2.3数据全局归一化中的局部归一化7.3芯片数据分析：推测统计学方法7.4芯片数据分析：记述统计学方法7.4.1芯片数据的层级聚类分析7.4.2分离方法用于聚类：k均值聚类7.4.3聚类策略：自组织图7.4.4主成分分析算法：芯片数据的观察算法7.4.5监督算法对芯片实验中基因或样本数据的分类7.4.6芯片数据注释7.5展望7.6常见问题7.7网络资源7.8问题讨论7.9问题7.10自测题7.11推荐读物参考文献第8章 蛋白质分析和蛋白质组学8.1引言8.2如何认识蛋白质：从四个视角看蛋白质8.2.1视角1.结构域和模体：蛋白质的模块性质8.2.2多结构域蛋白的复杂性8.2.3蛋白质模式：模体或蛋白质的指纹特征8.2.4视角2.蛋白质的物理性质8.2.5视角3和视角4的介绍：Gene Ontology协会8.2.6视角3.蛋白质定位8.2.7视角4.蛋白质的功能8.3蛋白质组学：对高通量蛋白质数据进行分析的生物信息学工具和方法8.3.1二维凝胶电泳8.3.2亲和层析和质谱8.3.3酵母双杂交系统8.3.4Rosetta Stone方法8.4分析细胞通路的生物信息学方法8.5展望8.6常见问题8.7网络资源8.8问题讨论8.9问题8.10自测题8.11推荐读物参考文献第9章 蛋白质结构9.1蛋白质结

<<生物信息学与功能基因组学>>

构与结构基因组学概要9.1.1蛋白质结构, 同源和功能基因组学9.1.2结构基因组学提出的问题: 载脂蛋白家族9.1.3蛋白质结构的基本原理: 从一级结构到二级结构9.1.4蛋白质三级结构: 蛋白质折叠问题9.1.5获得蛋白质结构的实验手段9.1.6选择目标与获得蛋白质的三维构象9.2PDB数据库9.2.1在NCBI访问PDB记录9.2.2蛋白折叠类型概况9.3用于结构研究的计算生物学方法9.3.1同源(比较) 模建9.3.2从头预测9.4蛋白质结构预测和蛋白质折叠空间的界限9.5蛋白质结构与疾病9.6展望9.7常见问题9.8网络资源9.9问题讨论9.10问题9.11自测题9.12推荐读物参考文献第10章多序列比对10.1引言10.1.1多序列比对的定义10.1.2多序列比对的典型应用和实际策略10.1.3Feng和Doolittle的渐进比对方法10.1.4从多序列比对到隐马尔可夫模型10.2两种多序列比对的程序10.2.1多序列比对的数据库10.2.2由用户产生的多序列比对10.2.3其他多序列比对软件10.2.4多重比对算法的评估10.3展望10.4常见问题10.5网络资源10.6问题讨论10.7问题10.8自测题10.9推荐读物参考文献第11章分子水平的系统发生和进化11.1分子水平的进化介绍11.1.1历史背景11.1.2分子时钟假说11.1.3分子进化中的“不确定性理论” 11.1.4分子系统演化的目标11.2分子系统发生: 系统发生树相关专用名词11.2.1树根11.2.2枚举树11.2.3物种树和基因/蛋白质树11.3系统发生分析的4个步骤11.3.1第一步: 利用DNA、RNA或蛋白质序列来进行分子系统发生分析11.3.2第二步: 多重序列比对11.3.3第三步: 构建系统发生树的方法11.3.4第四步: 用随机测试和引导检测的方法评估进化树11.4展望11.5常见问题11.6网络资源11.7问题讨论11.8问题11.9自测题11.10推荐读物参考文献第3篇基因组分析第12章全基因组和系统发生树12.1引言12.2系统分类学简史12.3地球上生命形式的生物发展史12.4系统发生树的分子序列基础12.5生物信息学在系统分类学中的角色12.6基因组测序计划12.7基因组测序计划的简要年表12.7.1总览: 1977年~现在12.7.2第一个病毒基因组(1977年)12.7.3第一个真核细胞器基因组(1981年)12.7.4第一个叶绿体基因组(1986年)12.7.5第一个真核染色体(1992年)12.7.6独立生存的生物体的全基因组(1995年)12.7.7第一个真核基因组(1996年)12.7.8更多的细菌和古细菌(1997年)12.7.9第一个多细胞生物的基因组(1998年)12.7.10人类染色体(1999年)12.7.11蝇、植物和人类21号染色体(2000年)12.7.12人类基因组序列的草图(2001年)12.7.13基因组测序的不断完成(2002年)12.8基因组分析总览12.8.1选择用于测序的基因组12.8.2应当对物种的一个、几个还是多个个体测序12.8.3基因组究竟有多大12.8.4基因组测序中心12.8.5基因组测序: 策略12.8.6基因组序列数据: 从未完成到完成12.8.7一个基因组什么时候测序完毕? 12.8.8基因组序列的数据仓库12.8.9基因组注解: 基因组DNA的特征12.8.10给细菌基因组做注释12.8.11真核基因的注释12.8.12总结: 基因组测序计划中存在的问题12.9展望12.10常见问题12.11问题讨论12.12问题12.13自测题参考文献第13章已完成测序的基因组: 病毒基因组13.1引言13.2病毒的分类13.3运用生物信息学方法研究病毒学问题13.3.1多样性和病毒的进化13.3.2从系统发生到基因表达: 运用生物信息学方法研究疱疹病毒13.3.3运用生物信息学方法研究人类免疫缺陷病毒13.3.4运用生物信息学方法研究HIV?13.3.5针对麻疹病毒的生物信息学分析13.3.6其他生物信息学资源13.4展望13.5常见问题13.6网络资源13.7问题讨论13.8问题13.9自测题13.10推荐读物参考文献第14章已完成测序的基因组: 细菌和古细菌基因组14.1引言14.2根据形态学标准的细菌分类14.3基于基因组大小和排列的细菌和古细菌分类14.4基于生活方式的细菌和古细菌分类14.5基于与人类疾病相关的细菌分类14.6基于核糖体RNA序列的细菌和古细菌分类14.7基于其他分子序列的细菌和古细菌分类14.8原核基因组分析14.8.1核苷酸组成14.8.2寻找基因14.8.3水平基因转移14.8.4注释和比较14.9原核生物基因组的比较14.9.1COG14.9.2TaxPlot14.9.3MUMmer14.10展望14.11常见问题14.12网络资源14.13问题讨论14.14问题14.15自测题14.16推荐读物参考文献第15章真核基因组: 真菌基因组15.1引言15.2出芽酵母介绍15.2.1啤酒酵母15.2.2酵母基因组测序15.2.3出芽酵母基因组的特征15.2.4探索典型的酵母染色体15.2.5新基因的产生: 啤酒酵母基因组的复制15.3功能基因组学计划15.3.1用转座子进行基因印迹15.3.2开发外源转座子15.3.3根据分子条形码进行全基因组范围的删除15.4真菌基因组分析15.4.1烟曲霉15.4.2白念珠菌15.4.3典型的真菌: 小孢子寄生虫15.4.4脉孢菌15.4.5第一个担子菌: 白腐真菌15.4.6裂殖酵母15.5展望15.6常见问题15.7网络资源15.8问题讨论15.9问题15.10自测题15.11推荐读物参考文献第16章真核基因组: 从寄生生物到灵长类16.1引言16.2真核生物的普遍特性16.2.1真核生物与原核生物的主要不同16.2.2C值矛盾: 为什么真核基因组大小差异如此之大16.2.3许多真核基因组包含非编码和重复的DNA序列16.2.4检测重复性DNA的软件: RepeatMasker和Censor16.2.5基因的定义16.2.6在真核基因组中寻找基因16.2.7真核生物中的蛋白质编码基因: 新的悖论16.2.8转录因子数据库和其他基因组DNA数

<<生物信息学与功能基因组学>>

据库16.2.9真核基因组以染色体的形式组织起来16.2.10真核生物DNA比较：PipMaker和VISTA16.3真核生物基因组个例16.3.1引言16.3.2位于树底层的原生生物16.3.3单细胞病原体的基因组：锥体虫和利什曼虫16.3.4疟疾致病体——疟原虫16.3.5植物基因组16.3.6后生生物的最底层：黏菌16.3.7后生生物简介16.3.8简单动物的分析：秀丽隐杆线虫16.3.9第一个昆虫基因组：黑腹果蝇基因组16.3.10第二个昆虫基因组：冈比亚疟蚊基因组16.3.11通向脊椎动物之路：海鞘16.3.12鱼的基因组：河豚16.3.13分析哺乳动物基因组：小鼠基因组16.3.14灵长类动物基因组16.4展望16.5常见问题16.6网络资源16.7问题讨论16.8问题16.9自测题16.10推荐读物参考文献第17章 人类基因组17.1引言17.2人类基因组计划的主要结论17.3通过三个门户网站可获得人类基因组数据17.3.1NCBI17.3.2Ensembl17.3.3UCSC人类基因组浏览器17.4人类基因组计划17.4.1人类基因组计划的背景17.4.2测序战略：用分级鸟枪法得到序列草图17.4.3测序的一些特点17.4.4人类基因组概貌17.4.5人类基因组重复序列的含量17.4.6人类基因组基因含量17.5展望17.6常见问题17.7网络资源17.8问题讨论17.9问题17.10自测题17.11推荐读物参考文献第18章 人类疾病18.1人类遗传疾病：DNA变异的结果18.2人类疾病的生物信息学展望18.3Garrod对疾病的观点18.4疾病的种类18.5疾病的分类18.6单基因疾病18.6.1OMIM：有关人类疾病的重要生物信息学资源18.6.2其他重要的人类疾病数据库18.6.3突变数据库18.6.4单核苷酸多态性(SNPs)与疾病18.7复杂疾病18.8疾病中染色体异常性分析18.9在模式生物中研究和寻找人类疾病基因18.10人类疾病研究组织18.11疾病基因的功能分类18.12展望18.13常见问题18.14网络资源18.15问题讨论18.16问题18.17自测题18.18推荐读物参考文献后记参考文献附录GCG软件包：用于蛋白和DNA分析术语表自测题答案

<<生物信息学与功能基因组学>>

编辑推荐

《生物信息学与功能基因组学》从头到尾都用一个基因和它的蛋白产物作为例子进行讲解。这个蛋白是视黄醇结合蛋白(retinol-binding protein, RBP)。图文并茂。

《生物信息学与功能基因组学》在论述的同时配以大量的图片，直观、形象、通俗易懂。

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>