

<<比较基因组学基础>>

图书基本信息

书名：<<比较基因组学基础>>

13位ISBN编号：9787030194640

10位ISBN编号：7030194640

出版时间：2007-8

出版时间：科学

作者：马希特贾恩

页数：265

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>

<<比较基因组学基础>>

内容概要

近些年来，基因组学研究技术得到了快速发展。

随着全基因组测序不断大规模地进行，生命科学领域的研究也随之翻开了崭新的一页。

庞大的基因组数据信息源源不断地从一系列新技术中产生，而且未来还会进一步呈指数倍增长。

但海量的信息无法直接促进我们对生命本质的解读，探索对这些信息进行解析的方式已成为这一时代生命科学研究最大的挑战之一。

机遇与挑战同在，丰富的信息量、广泛的涉及内容，结合迅猛发展的计算机、网络技术，“生物信息学”孕育而生。

比较基因组学是最引人瞩目的领域，它通过对不同物种的基因组数据进行比较分析，揭示彼此的相似性和差异性，以了解不同物种间进化上的差异。

综合这些信息能进一步帮助我们了解物种形成的机制、基因或基因组上非编码区的功能。

进行基因组比较分析时，研究并不仅限于基因编码区，还扩展到对序列相似性的分析、基因位置的比较、基因编码区长度或外显子数的变异、基因组上非编码区的比例、进化关系较远的物种间高度保守区域的比较分析等等（例如从最简单的细菌到非常复杂的人类基因组之间的比较）。

此前已有多部论述生物信息学资源信息（数据库和工具）、分析方法、算法构建等相关内容的学术专著，但是仍然缺乏一本深入浅出地向广大研究生、科技工作者介绍比较基因组学基本原理、方法及研究进展的专著。

本书的出版弥补了这一空缺。

本书并非旨在提供比较基因组或其他计算生物学相关领域全面的资料信息。

尽管进行比较基因组学分析时要面对众多不同的数学模型、方程式和算法，但本书并没有过多涉及数学、统计学和计算机学的问题。

这本书主要是想传达科学研究中思考问题的方法，这在从事计算生物学研究尤其是其中最令人瞩目的比较基因组学研究时非常重要。

本书还对比较基因组学的研究进行了全景式的介绍，对其发展历史和基本概念进行了梳理。

<<比较基因组学基础>>

作者简介

马希特贾恩，出生于莫斯科，毕业于莫斯科国立大学，现任美国堪萨斯城Stowers 医学研究所生物信息学中心主任暨堪萨斯大学医学中心微生物学教授。

<<比较基因组学基础>>

书籍目录

前言1.计算基因组学时代的来临2.序列相似性比较3.相似等于同源吗4.比较基因组学前奏：来自病毒的重大研究进展5.比较基因组研究实际情况之一：进化过程中蛋白质序列变异具有较强的回复性6.比较基因组研究实际情况之二：存在分子水平上的功能趋同7.基于基因组信息的功能预测和新陈代谢系统重建：以同源性为基础的方法8.功能预测和新陈代谢系统重建：不以同源性为基础的方法9.结构基因组学：它向我们传达了关于生命的哪些信息10.究竟存在多少类蛋白质家族11.全基因组时代基于系统发育的进化推断12.两个关于进化的故事13.最小而有效的基因组及祖先基因组14.比较基因组学与系统生物学参考文献索引

<<比较基因组学基础>>

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>