

<<基因组学方法>>

图书基本信息

书名：<<基因组学方法>>

13位ISBN编号：9787030355881

10位ISBN编号：7030355881

出版时间：2012-9

出版时间：科学出版社

作者：杨焕明、冯小黎

页数：106

字数：168000

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>

<<基因组学方法>>

内容概要

基因组学是从系统的角度研究生命体全部遗传信息的学科，自诞生以来只有20年的历程，但是发展非常迅猛，这与基因组学技术的飞速进步是分不开的。

《基因组学方法》重点从方法学的角度阐述了基因组学的发展脉络和未来路线。

首先介绍了基因组学的基本概念、历史发展。

之后重点阐述了基因组学最根本的测序技术和生物信息分析技术的前沿进展，并着重讨论了几个对本领域研究具有重大意义的技术问题。

接下来，《基因组学方法》综述了一些应用基因组前沿技术获得的科学研究成果，并进一步讨论了基因组学技术创新发展的策略和途径，特别是我国在这一学科的目标、方向和重点任务。

<<基因组学方法>>

作者简介

杨焕明、冯小黎

<<基因组学方法>>

书籍目录

前言第一章 基因组学的发展历程第一节 基因组学的研究内涵一、双螺旋模型对遗传信息储藏方式的启示二、动态变化中的染色体/染色质是遗传信息的载体三、中心法则——遗传信息的使用四、基因组和基因组学第二节 基因组学的发展历程一、基因组学的催生婆：“人类基因组计划”二、测序技术的发展三、基因组学研究领域的拓展四、从解读生命到书写生命第二章 基因组学主要创新方法第一节 测序技术一、测序技术的基本原理二、测序的操作流程(以Illumina/HiSeq2000测序仪为例)三、现有测序技术的优点和不足四、测序技术改进的方向和途径第二节 测序技术的应用一、全基因组测序二、目标序列的捕获:芯片技术和测序技术的结合三、转录组四、数字化表达谱五、表观遗传学六、小RNA分析七、调控组八、翻译组九、宏基因组学十、DNA鉴定第三节 序列的组装和解读:生物信息学一、基因组测序的策略二、序列的组装三、序列的解读四、序列数据库五、软硬件配置第四节 本领域当前亟待解决的关键技术问题一、大基因组de novo组装算法设计与软件开发二、大基因组注释核心技术开发三、比较基因组与进化分析核心技术开发四、大基因组重测序数据分析核心技术的开发五、RNA分析第三章 基因组学的应用与成果第一节 基因组学研究成果一、人类基因组学研究成果二、动植物基因组学研究成果第二节 基因组学现状一、癌症基因组研究二、复杂疾病和孟德尔疾病基因组研究三、动物基因组及进化与分子育种研究四、植物基因组及进化与分子育种研究五、微生物基因组研究第四章 基因组学方法创新的发展策略与途径第一节 基因组学发展趋势一、由单一组学向多组学研究过渡二、由基础型研究向应用型研究过渡第二节 我国基因组学方法创新发展的需求一、技术需求二、产业需求第三节 我国基因组学方法创新的目标、方向和重点一、主要目标二、研究重点参考文献

章节摘录

版权页：插图：（四）“单分子”和纳米测序技术 1.单分子实时测序技术单分子实时测序（Single-molecule Real Time Sequencing）是个很有趣的想法。

大家都知道，在DNA的合成过程中，DNA聚合酶会在模板链上边合成边移动，试想，假如我们在DNA聚合酶上安装一个电子眼，直接观察每个合成上去的碱基是什么，不就可以读出DNA的序列？DNA合成越快，聚合酶跑得就越快，测序就越快。

单分子实时测序就这样诞生了（Eid, et al.2009）。

具体应该怎么做呢？

首先，将每种单核苷酸都标记上不同的荧光分子，荧光分子标记在5磷酸基团上，而并非碱基上。当某种核苷酸与模板链配对结合时，就会在DNA聚合酶处发出荧光信号，从而达到边合成边测序的目的，信号捕捉完毕，就会切割荧光基团，成为正常的核苷酸，再继续反应。

其次，这种方法不需任何DNA扩增，是真正的单分子测序。

可是，在反应体系中同时存在很多荧光标记的单核苷酸，茫茫“光海”中，究竟哪束光才是我们所需要的？

因此实时测序的关键在于如何从很强的荧光背景中检测到正确的荧光信号，必须使正确的荧光更加明亮，易于分辨。

对此有两种不同的方法。

美国的Visigen公司使用了荧光共振能量转移（FRET）技术。

使用荧光标记的DNA聚合酶，只有结合到模板的单核苷酸上的荧光分子才能与聚合酶中的荧光分子足够接近，产生FRET作用，从而发出强于背景的荧光信号。

而Pacific Bioscience公司使用一种被称为零模式光导（zero mode waveguide）的纳米小室作为DNA合成的反应体系，这个反应空间直径只有70nm，足够小的空间将单核苷酸荧光背景与结合上模板的核苷酸荧光信号区分开，从而实现了足够的检测信噪比。

这些纳米小室阵列在微阵列芯片上，得以实现高通量。

Pacific Bioscience公司已经在Science杂志上发表文章（Eid, et al.2009），证明了这种技术的可行性。

由于合成的都是正常的核苷酸，这种技术可以实现比Sanger法更长的读长。

并且碱基合成速度达到每秒10个，加上芯片的高通量，单分子实时测序可以很轻易地实现高速度和低成本。

目前，这种技术还处在研发阶段，有望在近年内实现15分钟内完成个人基因组的测序，费用低于1000美元。

这种新一代测序技术的特点，一个是“单分子”，只要一条模板链分子就可以读出序列，以保证高精度；一个是“实时”，在碱基合成的过程中同步进行检测，是高速度的基础。

<<基因组学方法>>

编辑推荐

《基因组学方法》是一本基因组学方法的入门读物，我们希望借《基因组学方法》的编写和出版为大专院校学生、科研人员提供参考，为政府各部门在基因组学科学、技术和产业发展的战略决策和实施规划制订上提供参考，并希望借此书引导人们去思考中国基因组学及其产业体系的创新发展。

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>