

<<计算分子进化>>

图书基本信息

书名：<<计算分子进化>>

13位ISBN编号：9787309060423

10位ISBN编号：7309060423

出版时间：2008-6

出版时间：复旦大学出版社

作者：杨子恒

页数：364

译者：钟扬 张文娟

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>

<<计算分子进化>>

内容概要

分子进化生物学是一门利用分子数据重建物种或基因间的进化关系并了解其进化过程与机制的学科，统计模型及算法则是分子进化研究中的主要方法论工具。

本书包含核苷酸置换和氨基酸置换模型、系统发育重建的常规方法及最大似然法与贝斯推断法、分子钟检验与物种分歧时间估计、适应性进化检测以及分子进化模拟技术等章节，内容丰富，方法新颖，并辅以实例说明，可作为高年级本科生和研究生教材，也可供进化生物学、分子系统学、群体遗传学以及生物统计学和计算生物学等相关领域的研究人员阅读。

<<计算分子进化>>

作者简介

杨子恒，1964年生于甘肃通渭，1984年毕业于甘肃农业大学，1992年获北京农业大学博士学位。曾在甘肃农业大学和北京农业大学畜牧系工作以及英美等国从事博士后研究。1997年起在伦敦大学学院（University College London）生物系任教（1997-2000年任讲师，2000-2001年任副教

<<计算分子进化>>

书籍目录

第1部分 分子进化建模	第1章 核苷酸置换模型	1.1 引言	1.2 核苷酸置换和距离估计的马尔可夫模型
	1.2.1 JC69模型	1.2.2 K80模型	1.2.3 HKY85、F84、TN93等模型
	1.2.4 转换/颠换比率	1.3 位点间可变的置换率	1.4 最大似然估计
	1.4.1 JC69模型	1.4.2 K80模型	1.4.3 概形与积分似然方法
	1.5 马尔可夫链和广义模型下的距离估计	1.5.1 广义理论	1.5.2 广义时间可逆(GTR)模型
	1.6 讨论	1.6.1 不同置换模型下的距离估计	1.6.2 成对比较的局限
	1.7 练习	第2章 氨基酸和密码子置换模型	2.1 引言
	2.1 氨基酸替代模型	2.2.1 经验模型	2.2.2 机理模型
	2.2.3 位点间的异质性	2.3 两条蛋白质序列间距离的估计	2.3.1 泊松模型
	2.3.2 经验模型	2.3.3 伽马距离	2.3.4 例子:猫和兔的p53基因间的距离
	2.4 密码子置换模型	2.5 同义和非同义置换率的估计	2.5.1 计数法
	2.5.2 最大似然法	2.5.3 方法比较	2.5.4 对距离的诠释及滥用
	2.6 转换概率矩阵的数值计算	2.7 练习	第2部分 系统发育重建
	第3章 系统发育重建:概述	3.1 树的概念	3.1.1 术语
	3.1.2 树之间的拓扑距离	3.1.3 一致树	3.1.4 基因树和物种树
	3.1.5 树重建方法的分类	3.2 穷举式或启发式树搜索	3.2.1 穷举式树搜索
	3.2.2 启发式树搜索	3.2.3 分枝交换	3.2.4 树空间的局部峰
	3.2.5 随机树搜索	3.3 距离方法	3.3.1 最小二乘法
	3.3.2 邻接法	3.4 最大简约法	3.4.1 简史
	3.4.2 对给定树计算最小变化数目	3.4.3 加权简约法和颠换简约法	3.4.4 长枝吸引
	3.4.5 简约法的假定	第4章 最大似然法	4.1 引言
	4.2 树的似然计算	4.2.1 数据、模型、树及似然函数	4.2.2 修剪算法
	4.2.3 时间可逆性、树根及分子钟	4.2.4 缺失数据与对位排列间隔	4.2.5 一个数值例子:猿类系统发育关系
	4.3 复杂模型下的似然计算	4.3.1 位点间可变速率模型	4.3.2 多个数据集联合分析的模型
	4.3.3 非齐次与非稳定模型	4.3.4 氨基酸与密码子模型	4.4 祖先状态重建
	4.4.1 概述	4.4.2 经验和等级贝斯重建	4.4.3 离散形态性状
	4.4.4 祖先重建中的系统偏差	4.5 最大似然估计的数值算法	4.5.1 单变量最优化
	4.5.2 多变量优化	4.5.3 树形固定时的优化	4.5.4 树形固定时似然表面上的多重局部峰
	4.5.5 最大似然树搜索	4.6 似然法的近似	4.7 模型选择与稳健性
	4.7.1 LRT、AIC和BIC	4.7.2 模型的充分性与稳健性	4.8 练习
	第5章 贝斯方法	5.1 贝斯范式	5.1.1 概述
	5.1.2 贝斯定理	5.1.3 经典统计学与贝斯统计学的比较	5.2 先验分布
	5.3 马尔可夫链蒙特卡罗算法	5.3.1 蒙特卡罗积分	5.3.2 Metropolis-Hastings算法
	5.3.3 单一成分Metropolis-Hastings算法	5.3.4 Gibbs取样法	5.3.5 Metropolis-偶联MCMC(MCMCMC或MC3)
	5.4 简单建议及其建议比	5.4.1 均匀分布的滑动窗口	5.4.2 正态分布的滑动窗口
	5.4.3 多元正态分布的滑动窗口	5.4.4 比例收缩和膨胀	5.5 监测马尔可夫链及处理输出
	5.5.1 验证和诊断MCMC算法	5.5.2 潜在尺度减约统计	5.5.3 处理输出
	5.6 贝斯系统发育分析	5.6.1 简史	5.6.2 总体框架
	5.6.3 汇总MCMC输出	5.6.4 贝斯法与似然法的比较	5.6.5 一个数值例子:猿类系统发育关系
	5.7 溯祖模型下的MCMC算法	5.7.1 概述	5.7.2 的估计
	5.8 练习	第6章 方法比较与树的检验	6.1 树重建方法的统计性能
	6.1.1 标准	6.1.2 性能	6.2 似然法
	6.2.1 与常规参数估计的不同之处	6.2.2 一致性	6.2.3 有效性
	6.2.4 稳健性	6.3 简约法	6.3.1 与病态似然模型的等价性
	6.3.2 与正常行为的似然模型的等价性	6.4 检验关于树的假设	6.4.1 自展
	6.4.2 内枝检验	6.4.3 Kishino-Hasegawa检验及改进	6.4.4 简约法分析中所用的指数
	6.4.5 例子:猿类的系统发育	6.5 附录:Tuffley和Steel的单性状似然分析	第3部分 高级专题
	第7章 分子钟与物种分歧时间估计	7.1 概述	7.2 分子钟检验
	7.2.1 相对速率检验	7.2.2 似然比检验	7.2.3 分子钟检验的局限性
	7.2.4 离散指数	7.3 分歧时间的似然估计	7.3.1 全局分子钟模型
	7.3.2 局部分子钟模型	7.3.3 试探式速率平滑方法	7.3.4 确定灵长类分歧时间
	7.3.5 化石的不确定性	7.4 分歧时间的贝斯估计	7.4.1 总体框架
	7.4.2 似然计算	7.4.3 速率的先验分布	7.4.4 化石的不确定性与分歧时间的先验分布
	7.4.5 在灵长类和哺乳类分歧中的应用	7.5 展望	第8章 蛋白质的中性与适应性进化
	8.1 引言	8.2 中性理论和中性检验	8.2.1 中性与近中性理论

<<计算分子进化>>

8.2.2 Tajima的D检验 8.2.3 Fu和Li的D检验与Fay和Wu的H检验 8.2.4 McDonald—Kreitman
 检验和选择强度估计 8.2.5 Hudson—Kreitman—Aquade检验 8.3 经历适应性进化的谱系
 8.3.1 启发式方法 8.3.2 似然法 8.4 经历适应性进化的氨基酸位点 8.4.1 三种策略
 8.4.2 随机位点模型下正选择的似然比检验 8.4.3 处于正选择的位点鉴定 8.4.4 人类主要组
 织相容性 (MHC) 基因的正选择 8.5 影响特定位点和谱系的适应性进化 8.5.1 正选择的分枝
 一位点检验 8.5.2 其他类似模型 8.5.3 被子植物光敏色素的适应性进化 8.6 假定、局限
 与比较 8.6.1 当前方法的局限 8.6.2 中性检验与基于dN和ds的检验间的比较 8.7 适应性
 进化的基因 第9章 分子进化的计算机模拟 9.1 简介 9.2 随机数发生器 9.3 连续随机变量的
 产生 9.4 离散随机变量的产生 9.4.1 离散均匀分布 9.4.2 二项式分布 9.4.3 广义离
 散分布 9.4.4 多项式分布 9.4.5 针对混合分布的组分法 9.4.6 从离散分布中抽样的重影
 法 9.5 分子进化的计算机模拟 9.5.1 树形固定时序列的模拟 9.5.2 生成随机树 9.6 练
 习 第10章 展望 10.1 系统发育重建中的理论问题 10.2 大规模和异质数据集分析中的计算问题
 10.3 基因组重排数据 10.4 比较基因组学附录 附录A：随机变量函数 附录B：技术附
 录C：系统发育分析软件参考文献

<<计算分子进化>>

章节摘录

第2章 氨基酸和密码子置换模型 2.1 引言 在第1章中,我们讨论了核苷酸置换的连续时间马尔可夫链模型(continuous-time Markov chain model)及其在估计两个核苷酸序列间距离方面的应用。

本章将讨论类似的马尔可夫链模型以描述蛋白质中氨基酸间的置换或蛋白质编码基因中密码子间的置换。

我们直接套用第1章中介绍过的马尔可夫链理论,只是链的状态不再是4个核苷酸而是20个氨基酸或61个有义密码子(sense codon)(通用遗传编码系统)。

运用蛋白质编码基因,我们可以区分同义置换(synonymous substitution,亦称沉默置换,指所编码氨基酸不改变的核苷酸置换)以及非同义置换(nonsynonymous substitution,亦称替代置换,指所编码氨基酸改变的核苷酸置换)。

由于自然选择主要作用于蛋白质水平,同义突变和非同义突变处于极不相同的选择压力之下,并以极不相同的速率固定。

因而,正如分子进化研究的先驱们所指出的,DNA测序技术一经实现,同义和非同义置换率之间的比较就成为理解蛋白质上自然选择效应的一种途径(如Kafatos et al., 1977; Kimura, 1977; Jukes and King, 1979; Miyata and Yasunaga, 1980)。

这种比较不需要估计绝对置换率或者有关分歧时间的知识。

第8章将详细讨论通过多条序列间的系统发育比较来检测选择的模型。

在本章中,我们只考虑两条序列间的比较,以计算同义置换和非同义置换两种距离。

2.2 氨基酸替代模型 2.2.1 经验模型 氨基酸置换的经验模型(empirical model)和机理模型(mechanistic model)有一个区别:经验模型试图描述氨基酸间的相对置换率,不考虑影响进化过程的确切因素,这些模型往往是通过分析从数据库中获得的大量序列数据而构建的;另一方面,机理模型则考虑氨基酸置换中涉及的生物学过程,如DNA上的突变偏差、密码子到氨基酸的翻译以及接受或拒绝自然选择筛选后的结果氨基酸。

在研究基因序列进化的动力和机制方面,机理模型的解释性更强、更有用。

对重建系统发育树而言,经验模型看起来至少是同样有效的。

.....

<<计算分子进化>>

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>