

<<遗传流行病学>>

图书基本信息

书名：<<遗传流行病学>>

13位ISBN编号：9787811163025

10位ISBN编号：7811163020

出版时间：2008-6

出版时间：北京大学医学出版社

作者：胡永华

页数：241

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>

<<遗传流行病学>>

内容概要

《遗传流行病学》共十二章，内容包括绪论、研究方法介绍和应用。

第一章绪论介绍了遗传流行病学学科发展的简史、学科特点与发展趋势；从第二章到第十一章详细介绍了遗传流行病学的基本原理、各类常用的研究方法，如家族聚集性研究、遗传度分析、分离分析、连锁分析、连锁不平衡定位、群体遗传学、候选基因关联研究以及遗传交互作用分析；第十二章重点介绍了遗传流行病学在医学与公共卫生方面的应用。

《遗传流行病学》可作为遗传流行病学教学人员的参考用书，也可作为在校本科生与遗传流行病学专业研究生学习遗传流行病学的推荐读物，对从事相关领域研究的科研人员也具有一定的参考价值。

书籍目录

第一章 绪论第一节 遗传流行病学概述一、遗传流行病学的概念二、学科的形成与发展三、我国遗传流行病学的发展简介第二节 研究对象和任务第三节 主要研究方法概述一、家族聚集性研究二、分离分析三、连锁分析四、关联分析第四节 研究进展简介第二章 遗传流行病学的基本概念和原理第一节 遗传学的基本概念一、遗传物质二、细胞的分裂活动三、突变第二节 流行病学的基本概念和原理一、流行病学中的重要概念二、疾病频率的测量三、流行病学研究的类型四、关联的测量五、流行病学中的偏倚第三节 遗传流行病学的基本概念和原理一、孟德尔遗传二、群体遗传学第三章 孟德尔式遗传的原理第一节 基本概念一、家族性、散发、遗传性和拟表型二、表型、基因型和外显率三、显性、隐性、共显性及剂量依赖的加性作用第二节 单一位点的孟德尔式遗传一、孟德尔式遗传定律二、配子及子代基因型的确定三、人群等位基因频率第三节 多位点的孟德尔遗传一、复等位基因位点二、两位点的孟德尔式遗传三、家系谱图的绘制第四节 常染色体遗传病一、常染色体显性遗传病二、常染色体隐性遗传病第五节 伴性遗传一、性染色体的遗传二、以X连锁遗传病为例说明第四章 家族聚集性研究第一节 家族研究的基本概念一、研究表型二、遗传关系和基因同一性三、家族危险性四、疾病家族史五、病例对照和队列研究的重叠第二节 家族研究的设计一、一般原则二、含家族组分的流行病学研究三、以人群为参照的病例研究四、固定亲属组五、养子研究六、家谱图七、家族聚集性的随机化检验第三节 家族聚集性的测量指标一、相对比和率差二、家族史得分三、家族危险性四、亲属间疾病状况的独立性检验第四节 家族聚集性原因的识别一、研究设计二、分析方法三、家族研究中协变量的校正第五节 连续表型的家系关联第五章 遗传度分析第一节 遗传度的概念一、定义二、用简单线性模型估计遗传度第二节 方差组分模型一、遗传方差组分二、环境方差组分三、根据亲属资料估计方差组分四、方差组分估计的一般性方法五、方差组分模型的诠释第三节 通径分析一、通径模型的构建二、通径系数的估计三、通径模型的诠释第四节 质量性状遗传度的估计一、风险函数的含义二、与方差组分模型比较三、与通径模型比较四、多因素模型对再发风险的估计第六章 分离分析第一节 分离分析的基本概念第二节 分离分析中家系的确定和收集一、家系的确定二、序贯抽样第三节 经典分离分析法一、基本原理二、确定校正和估计分离比三、样本含量四、关于确定校正的其他问题第四节 综合分离分析一、定义基本参数二、计算似然函数三、确定校正四、Class D回归模型五、选择最优模型第五节 分离分析的局限性第七章 连锁分析第一节 概述一、连锁分析的概念和原理二、连锁分析的过程三、连锁分析的分类第二节 连锁分析的遗传学基础一、减数分裂二、重组和作图函数三、血缘一致性和状态一致性第三节 连锁分析的方法一、直接计数法二、LOD值法三、亲属对方法四、连锁分析方法的选择五、连锁分析研究设计相关的问题第八章 连锁不平衡定位第一节 连锁不平衡一、连锁不平衡的定义二、导致遗传标记物与致病基因间连锁不平衡的机制三、连锁不平衡的度量第二节 连锁不平衡定位机制一、连锁不平衡定位的基本思想二、对连锁不平衡定位具有重要意义的两种机制第三节 连锁不平衡定位参数模型一、评估致病基因的经验方法二、单体型共享方法三、基于合并的参数方法四、在人类基因组中存在多少连锁不平衡第四节 单体型区块与连锁不平衡一、单体型二、单体型区块三、单体型区块与连锁不平衡第九章 群体遗传学原理第一节 单个位点的基因分布一、大群体中的Hardy-Weinberg平衡二、Hardy-Weinberg平衡定律的应用三、影响群体基因频率的因素四、近婚系数第二节 两个位点的基因分布一、连锁不平衡的起源二、连锁不平衡的衰减三、连锁不平衡的估计第十章 候选基因关联研究第一节 候选基因关联研究中的基本概念一、易感基因与候选基因二、关联和连锁不平衡三、人群分层四、表型和中间表型五、关联研究中表示关联强度的指标第二节 候选基因关联研究的设计类型一、队列研究设计二、病例对照研究设计三、以家庭为基础的关联分析四、基因组关联分析第三节 候选基因关联研究中需要注意的问题一、候选基因的选择二、候选基因关联研究样本量的选择三、基因分型与表型测量四、关联研究结果的解释第十一章 交互作用分析第一节 基本概念与研究设计一、交互作用的基本概念二、主要的研究设计类型第二节 统计分析方法及应用一、Logistic回归模型二、多因子降维法三、组合法四、随机森林法五、集合关联法六、神经网络模型第三节 交互作用的研究前景一、交互作用分析方法所面临的问题二、分析方法的比较与进展三、系统生物学的兴起第十二章 遗传流行病学在医学和公共卫生中的应用第一节 遗传流行病学在临床医学中的应用一、疾病筛

<<遗传流行病学>>

查和诊断试验评价二、疾病异质性研究三、疾病自然史研究四、治疗效果和安全性评价第二节 遗传流行病学研究在疾病预防中的应用一、疾病预防的策略二、以家系为基础的预防三、以人群为基础的预防第三节 遗传流行病学在公共卫生监测中的应用第四节 遗传流行病学研究中的伦理学问题索引

章节摘录

第二章 遗传流行病学的基本概念和原理 20世纪中后期,在遗传学、分子生物学、生物统计学和流行病学等众多学科交叉融合的基础上,产生了遗传流行病学,它是探讨人群中遗传因素与环境因素在疾病发生中的作用及其相互关系的学科。

这一学科不仅覆盖了原有遗传学、分子生物学和流行病学等众多学科的基本概念,同时也产生了许多本学科所特有的新概念。

为了帮助读者顺利阅读后续各章节,帮助其深入了解该学科的基本原理和方法,本章将从遗传学、流行病学以及遗传流行病学三方面对本学科的基本概念和原理作一全面介绍。

第一节 遗传学的基本概念 一、遗传物质 (一)染色体 染色体存在于细胞核中,由DNA(脱氧核糖核酸多聚体)、蛋白质(组蛋白和非组蛋白)和少量RNA(核糖核酸多聚体)组成,是遗传信息的载体。

人类是二倍体生物体,体细胞具有46条(23对)染色体。

其中44条(22对)为同源常染色体(每对中1条来自父亲,1条来自母亲);另两条为性染色体,与性别分化有关,性染色体在女性为XX,在男性为XY。

染色体的形态是由着丝粒的位置决定的,它将每条染色体分为一条长臂(记为q)和一条短臂(记为p)。

根据着丝粒的位置,人类染色体可以分为三种: 近中着丝粒染色体,着丝粒位于或靠近染色体中央,将染色体分为长短相近的两个臂; 亚中着丝粒染色体,着丝粒偏于一端,将染色体分为长短明显不同的两个臂; 端着丝粒染色体,着丝粒靠近一端,人类没有真正的端着丝粒染色体。

将染色体标本用热、碱、胰酶、尿素、去垢剂或某些盐溶液预先处理,再用Giemsa染料染色,可以使染色体呈现出宽窄和亮度不同的带纹,称为G显带,是目前广泛应用的染色体显带技术。显带技术不仅解决了染色体的识别问题,而且由于染色体上能区别许多区和带,还为深入研究染色体的异常和人类基因定位创造了条件。

图2-1显示的是一幅显带染色体模式图。

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>