

主 题 索 引

A

氨基酸(amino acids), 另见蛋白质中的条目。

缩写(abbreviations) 10

遗传信息翻译成(translating of genetic information into) 9-11

氨基酸顺序(amino acid sequences)

B

巴龙霉素(paromomycin) 77

白蛋白(albumin), 见血清蛋白

白细胞中介素 I 基因(interleukin I gene) 43-44

白血病(leukemia), 猫 110

半加工反录基因(semiprocessed retrogene) 111

胞嘧啶(cytosine) 6, 7

保守(型)转座(conservative transposition) 105-107

倍性基因(doublesex (dsx) gene) 97-98

被子植物(angiosperms), C 值 125

编码区(coding regions), 42-44

另见为蛋白质编码基因

变通的拼接(alternative splicing) 97-98

变形距离法(transformed distance method), 用于系统树构建的 65-66, 68, 81

变异的重复(variant repeats) 87

表皮生长因子(epidermal growth factor, EGF) 94

表型关系图(phenogram) 68

表型学(phenetics), 与进化枝学对应 68-69

保护生物学(conservation biology) 77-81

丙酮酸激酶(pyruvate kinase), 同功酶 88

并发进化(coincidental evolution) 99, 另见协同进化

病毒基因(virogenes) 120

从狒狒向猫的水平转移(horizontal transfer from baboons to cats) 120-121

病毒子(virion) 108-109

哺乳动物的 C 值(mammalian C values) 125

哺乳动物线粒体的遗传密码(mammalian mitochondrial genetic code) 10-11, 34

哺乳动物线粒体基因组(mammalian mitochondrial genome) 52-53, 87-88

不变重复(invariant repeats) 87, 88

不等价交换(unequal crossing over) 12-13, 1278

协同进化与(concerted evolution and) 92, 99-103

基因组大小与(genome size and) 88

珠蛋白(globin) 92

线性排比(alignment) 34-37

乳牛与叶猴溶菌酶中的(in cow and langur lysozymes) 47-48

氨基酸替代(amino acid replacements) 25, 另见非同义替换

澳大利亚有袋类(Australian marsupials), 分子古生物学 77

低密度脂蛋白受体基因(low density lipoprotein receptor gene) 116

不翻译区(untranslated region) 7

中的核苷酸替换速率(rates of nucleotide substitutions in) 28, 30-31, 42

不加权算术平均组对法(unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA) 64-65, 68-69, 72-74, 78-81

不完全变态昆虫(hemimetabola) 82

不转录间隔(nontranscribed spacer, NTS) 99

C

操纵基因(operator) 8

操纵子(operon) 8-9

操作中的分类单位(operational taxonomic units, OTUs) 另见系统树

复合的(composite) 111 侧(区)序列(flanking sequences) 为蛋白质编码基因与(protein coding genes and) 7-8, 25

中的核苷酸替换速率(rates of nucleotide substitution in) 45, 50-51

插入(insertions) 11-14, 34, 116

插入序列(insertion sequences) 107, 124

IS1 106, 107

IS4 105

长臂猿科(hylobatidae) 73

长度缩短(length abridgment) 115

长末端重复(longterminal repeats, LTRs) 109, 116, 128

长期有效群体大小(long term effective population size) 22

长散在的重复序列(long interspersed repeated sequences),

同 LINEs 128-129

超家族(superfamily) 88, 另见基因家族

超显性基因(overdominance genes) 17, 18-19, 45

沉默(化)(silencing) 55 另见无功能化

- 沉默替换(silent substitution) 11
 成熟酶(maturase) 97
 重叠基因(overlapping genes) 96–97
 重复(duplication) 的类型的(types of) 83
 重复基因(duplicate genes) 另见基因重复
 无功能化(nonfunctionalization) 89–91
 重复型转座(duplicative transposition) 105–106
 另见复制型转座
 重组(recombination) 16, 100, 117
 重组酶(recombination enzyme) 9
 重组子基因(recombinator gene) 9
 初龙亚纲(archosauria) 72
 垂直进化(vertical evolution), 与水平进化对应 99
 垂直相关(orthology) 90
 纯合子(homozygotes)
 共显性与(codominance and) 18
 超显性与(overdominance and) 16
 纯洁化选择(purifying selection) 17, 45, 47–48, 52 另见有害突变
 醇脱氢酶基因座位(alcohol dehydrogenase (Adh) gene)
 核苷酸多样性(nucleotide diversity) 25–26
 次黄嘌呤核苷(inosine), 又称肌苷 56
 促红细胞生成素基因(erythropoietin gene) 43
 促黄体生成激素基因(luteinizing hormone gene) 43
 促甲状腺激素基因(thyrotropin gene) 43
 促进子(promotors) 7, 9, 79, 115
 促进子区(promotor region) 7
D
 达尔文, 查尔斯(Darwin, Charles) 72–73
 达尔文主义(Darwinism) 26
 大鼠(rats), 核苷酸替换速率 50
 大猩猩亚科(gorillinae) 73
 单倍体(haploid) 16, 17
 单拷贝 DNA(single copy DNA) 98–99, 126–127
 单一DNA(unique DNA) 126–127, 129
 单子叶植物(monocotyledons) 53–54, 129
 胆固醇(cholesterol) 116
 蛋白酶抑制因子(protease inhibitors)
 内部域重复 86–87
 蛋白质(protein(s))
 基因家族(gene families) 87–89
 球状的(globular) 84–85
 中的内部域重复(internal domain duplications in) 85–87
 由内含子编码的(intorn encoded) 97–98
 镶嵌的(mosaic) 93–94
F
- 蛋白质C(protein c) 93
 蛋白质域(protein domain), 见域
 倒位(inversions) 11–12, 116
 等位基因(allele(s)) 16, 25
 共显性的(codominant) 18–19
 有害的(deleterious) 11–14, 34–35, 52, 114, 116
 的固定(fixation of) 20–20, 22–25, 28
 的丢失(loss of) 20–20
 中性的(neutral) 22–23, 另见中性突变
 野生型(wild type) 22
 等位基因频率(allele frequencies) 16, 17–19
 的波动(fluctuations in) 18–20
 多态与(polymorphism and) 24–26
 低密度脂蛋白受体基因(low density lipoprotein receptor), 不等价交换 116
 低水平表达的基因(lowly expressed genes) 56–57
 颠换(transversions) 11–12, 30–32, 33–34
 点突变(point mutations) 11
 模式(pattern) 53, 55
 点阵法(dot matrix method), 顺序线性排列中的 35, 36, 41
 电泳型等位基因(electrophoretic alleles) 25–26
 定向选择(directional selection) 18
 豆血红蛋白(leghemoglobin), 内含子 84–856
 端粒(telomere) 125–126
 短散在重复序列(short interspersed repeated sequences), 同 SINEs 128–129
 断裂基因(split genes) 83
 多倍体(polyploidy) 83, 129 另见基因组重复
 多次“击中”(multiple “hits”) 31–32
 多基因家族(multigene families) 88, 另见基因家族
 协同进化(concerted evolution) 98–103, 另见协同进化 多聚酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR) 78–80
 多聚(A)添加部位(poly(A) addition site) 6–7
 多聚腺苷化信号(polyadenylation signal) 7–8, 90
 多拷贝单链DNA(multicopy singlestranded DNA, ms DNA) 109–110
 多配偶制物种(polygamous species), 的有效群体大小 21
 多态(性·现象)(polymorphism) 20–20, 24–26
 基因转变与(gene conversion and) 127
 新达尔文主义与(neo Darwinism and) 26
 中性学说与(neutral theory and) 26–27
E
 二重简并核苷酸位点(twofold degenerate nucleotide sites) 34–35, 44–45
 二氢叶酸还原酶基因(dihydrofolate reductase gene) 113
 二色性(dichromatism) 89–90
 二项式概率函数(binomial probability function) 19–20

- 翻译(translation)7, 9–10, 77
 翻译效率(translational efficiency),
 密码子应用模式与 55–57
 反录病毒(retroviruses)107–110, 115–116
 反录病毒的序列(retroviral sequences), 内源的 120
 反录感染(retrofection)111
 反录基因(retrogenes)111–112, 122, 另见反录序列
 半加工的(semiprocessed)111
 反录假基因(retropseudogene)111, 112–116 另见反录序列
 进化(evolution)115–116
 反录序列(retrosequences)108–109, 110–111, 121–122, 128–129,
 另见反录基因,
 反录假基因 判定特征(diagnostic features)111
 类型(types)111
 反录因子(retroelements)107–110, 121–122
 分类(classification)108–109
 可能的进化途径(possible evolutionary pathway)109–110
 反录转座(retroposition)103, 105–107, 107–108, 129
 对宿主基因组的影响(effects on host genome)115–116
 反录转座子(retrotransposons)107, 108–110, 129
 copia 108–109
 DIRS 1 108–109
 反录子(retrons)108–110
 反录座子(retroposons)108–110, 128–129
 cin 4
 因子(cin 4 factor)128
 D 因子(D factor)128
 F 因子(F factor)128
 G 因子(G factor)128
 G3A 126–127 I 因子(I factor)128
 IngI 128
 L1 149–150 的假基因(pseudogenes of)128
 R2 因子(R2 factor)128
 反密码子(anticodon)56–57
 反转录本(retrotranscripts)见反录序列
 反转录酶(reverse transcriptase)1085–109, 111, 128
 放线菌酮(cycloheximide), 即(戊二酰)亚胺环己酮 77–79
 “非病毒的反录座子” (“nonviral retroposons”) 见反录序列
 非肌的原肌球蛋白基因(nonmuscle tropomyosin gene)113
 非基因 DNA(nongenic DNA)129
 C 值悖论与(c value paradox and)125–127
 的维持(maintenance of)131
 非简并核苷酸位点(nondegenerate nucleotide sites)35–36,
 44–46
 非同义替换(nonsynonymous substitution)11–13, 91 另见核苷酸
 替换
 钙调素基因(calmodulin gene)
- 速率(rates)42–45, 52–54
 选择强度与(selection intensity and)45–47
 与同义替换对应(synonymous substitutions versus)45–46
 两为蛋白质编码序列间的(between two protein coding
 sequences)33, 34
 非同义位点(nonsynonymous site)46, 另见非简并位点, 二重简并
 位点
 非整数倍重复(aneuploidy)83, 129 另见染色体重复
 废物 DNA(junk DNA)127–128, 131
 猕猴(baboons), 病毒基因向猫的水平转移 120–122
 分类学单位(taxonomic units), 操作中的, 见操作中的分类学单
 位
 分离偏斜(segregation distortion)117
 分离子基因(segregator gene)9–10
 分歧(divergence)
 协同进化与(concerted evolution and)102
 核苷酸序列间的(between nucleotide sequences)31–32,
 32–34, 44–45
 分歧时间(divergence time)42
 的估计(estimate of)70–71
 人与猿的(of humans and apes)49, 72–73
 分子的系统发育(molecular phylogeny)见系统发育
 分子古生物学(molecular paleontology)77–80
 分子进化(molecular evolution), 定义 5 分
 子进化的中性学说(neutral theory of molecular
 evolution)26–27, 46
 分子驱动(molecular drive)101–102
 分子生物学(molecular biology)5
 分子(时)钟(molecular clock(s))48–52
 对假说的挑战(challenges to hypothesis)49
 人与猴中的比较(comparison in humans and monkeys)50–51
 小鼠与大鼠中的比较(comparison in mice and rats)50
 啮齿类与灵长类中的比较(comparison in rodents and
 primates)51–52
 相对速率测验与(relative rate test and)49–50
 谱系间的变异(variation among lineages)50–52, 71
 分枝进化(cladogenesis), 转座与 118–119
 负选择(negative selection)17, 另见有害突变
 附着位点(attachment site)9–10
 复合转座子(complex transposons)107
 复制滑脱(replication slippage)12–13, 14, 101–102, 131
 复制(型)转座(replication transposition)105–107, 128
 复制子基因(replicator genes)9–10, 125–126
 G
 钙结合组件(calcium binding module), 依赖维生素 K 的 94
 钙依赖性调节蛋白(calcium dependent regulator protein),

- 内部域重复 85–87
 概率(probability)
 二项式的(binomial)19–20
 固定(fixation) 22–23
 干扰素基因(interferon genes) 42–43
 甘油醛 3
 磷酸脱氢酶基因(glyceraldehyde 3 phosphate dehydrogenase gene)113 中的核苷酸替换速率(rate of nucleotide substitutions in)43–44
 高胆固醇血症(hypercholesterolemia)116
 高度重复的DNA(highly repetitive DNA) 126–127
 散在序列(dispersed sequences)127–128
 区域性序列(localized sequences) 126–128
 高水平表达的基因(highly expressed gene) 56–57
 草兰氏阳性菌(Gram positive bacteria)123, 124–125, 132
 草兰氏阴性菌(Gram negative bacteria, 123, 132
 给(供)体部位(donor site)8, 116
 功能限制(functional constraints) 进化速率与 45–47
 功能域(functional domain)83
 共同顺序(consensus sequence)25
 共显性(codominance)18–19
 构建系统树的距离矩阵法(distance matrix methods for tree reconstruction)64–67, 68–69
 用于人与猿的(for humans and apes)74–75
 古生物学(paleontology), 分子的 77, 80
 古细菌(archaeabacteria)123
 固定(fixation)16, 19–21, 22–25, 26
 等位基因(allele)20–21, 22–25, 28
 协同进化与(concerted evolution and)101–102
 固定概率(fixation probability)20–21, 22–23, 24–25, 45
 固定时间(fixation time)22, 23–24
 条件的(conditional)23
 光合细菌(photosynthetic cyanobacteria)76–77
 滚环复制(rolling circle replication)130–131
- H**
- 哈迪温伯格平衡(Hardy Weinberg equilibrium)17
 海绵(sponges), C值 125
 海滩雀(seaside sparrow)80–81
 合成转座子(composite transposons)107
 核苷酸(nucleotides)
 组成(composition)131
 多样性(diversity)25–27
 DNA序列中的(in DNA sequences)6
 非标准(nonstandard)7
 RNA序列中的(in RNA sequences)2
 标准(standard)7
 核苷酸顺序(nucleotide sequences)28–37
- 线性排比(alignment)34–37
 相异性(dissimilarity)36
 分岐(divergence)31–32, 32–35, 42
 rRNA 77–78
 相似性(similarity)36
 核苷酸替换(nucleotide substitutions)11–13, 28–35, 42–59, 64, 91–92
 回复(backward)32
 速率变异的原因(causes of rate variations)45–47
 并发的(coincidental)32
 趋同的(convergent)32
 人和猿与(humans and apes and)74
 朱克斯和坎托的一参数模型(Jukes and Cantor's one parameter model)28–31, 32–34, 41
 木村的两参数模型(Kimura's two parameter model)30–32, 33–34
 乳牛与叶猴的溶菌酶中的(in lysozymes of cows and langurs)48
 哺乳动物线粒体中的(in mammalian mitochondria)52–23
 分子时钟假说(molecular clock hypothesis)48–52
 多重(multiple)31–32
 同义密码子的非随机应用与(nonrandom usage of synonymous codons and)55–59
 两DNA序列间的数目(number between two DNA sequences)31–35
 两非编码序列间的数目(number between two noncoding sequences)32–34
 两为蛋白质编码序列间的数目(number between two protein coding sequences)34
 平行的(parallel)32, 48
 假基因中的模式(pattern in pseudogenes)53–55
 植物核基因组中的(in plant nuclear genomes)53
 速率(rates)42
 细胞器DNA中的速率(rates in organelle DNA)52–53
 速率变异(rate variations)45–47
 沉默的(silent)11–12
 物种比较(species comparisons)49–52
 物种分歧时间估计与(species divergence time estimations and)71
 同义的(synonymous)11–13
 核苷酸替换的两参数模型(two parameter model of nucleotide substitution)31–34
 核苷酸替换的一参数模型(one parameter model of nucleotide substitution)28–30, 32–34
 核苷酸替换速率(rate of nucleotide substitution)24–25, 28, 30–30, 42
 核苷酸位点(nucleotide sites), 另见信息位点

- 简并类型(degeneracy classes) 34–35
 核骨架(nucleoskeleton) 131
 核类型的DNA(nucleotypic DNA) 131
 核仁素(nucleolin) 59
 核糖(ribose) 6
 核糖核酸(ribonucleic acid) 见 RNA 核糖体(ribosome) 9–10, 77
 核糖体蛋白L7基因(ribosomal protein L7 gene) 113
 核糖体蛋白L30基因 113
 核糖体蛋白L32基因 113
 核糖体RNA(ribosomal RNA) 见 rRNA
 核小体(nucleosome) 47, 131
 颌下腺型蛋白酶抑制因子(submandibular gland type protease inhibitor) 内部域重复 86–87
 黑猩猩(chimpanzees) 72–76
 红霉素(erythromycin) 107
 红色素基因(red pigment gene) 89
 猴(monkeys), 核苷酸替换速率 50–51
 互补DNA(complementary DNA) 见 cDNA
 滑脱链误配(slipped strand mispairing) 12–14, 101–102, 131 另见复制滑脱
 环节动物(annelids), c值 125
 环状DNA病毒(circular DNA viruses) 109–110
 回交(backcrosses) 79
 回文(palindromes) 126–127
 中的突变(mutations in) 14
 识别顺序与(recognition sequences and) 37–38
- J**
- 机制不相容性(mechanical incompatibility), 物种形成与 119
 肌动蛋白基因(actin genes) 43
 肌动蛋白 α (actin α) 43, 50
 肌动蛋白 β (actin β) 43, 50, 113
 肌红蛋白基因(myoglobin gene) 84–85, 88, 92 另见珠蛋白基因
 中的核苷酸替换速率(rates of nucleotide substitutions in) 43
 肌球蛋白轻链基因(myosin light chain gene) 113
 肌酸激酶(creatine kinase), 同功酶 88
 肌酸激酶M基因(creatine kinase M gene) 43, 44
 基因(gene(s)), 另见特异基因或基因类型 编码区(coding regions) 7–8
 “死的”(“dead”), 见假基因
 定义(defined) 7
 外源性的(exogenous) 106–107
 侧区(域)(flanking regions) 8
 高度重复的(highly repetitive) 88
 水平转移(horizontal transfer) 119–122
- 低度重复的(lowly repetitive) 88
 不转录区(域)(nontranscribed regions) 8
 垂直相关的(orthologous) 90–91
 重叠(overlapping) 95–97
 平行相关的(paralogous) 90–91
 加工后(processed) 111–112
 重复的(repeated) 87
 的沉默(silencing of) 55 另见无功能化
 断裂(split) 83
 间的替换速率变异(substitution rate variations among) 47
 内的替换速率变异(substitution rate variations within) 46
 可转录的(transcribed) 8–10, 129
 可转录区(域)(transcribed regions) 8
 类型(types) 7
 不翻译区(域)(untranslated regions) 7–8
 基因表达(gene expression), 可转座因子与 116
 基因重复(gene duplication) 38–39, 83
 另见DNA重复, 域重复, 外显子重复
 完全的(complete) 83
 年代估计(estimate of date) 90–92
 内部的(internal) 83
 无功能化与(nonfunctionalization and) 89–91
 部分的(partial) 83
 基因(的)延长(gene elongation) 85–87
 基因多样性(gene diversity) 24–25
 基因分化(gene splitting), 群体分化与 63
 基因分享(gene sharing) 97–99
 基因家族(gene families) 87–89
 协同进化(concerted evolution) 98–103 另见协同进化
 珠蛋白(globins) 192–93
 基因结构(gene structure) 7–10
 为蛋白质编码基因(protein coding genes) 7–9
 调节基因(regulatory genes) 9–10
 确定RNA的基因(RNA specifying genes) 9
 基因频率(gene frequencies) 见等位基因频率
 基因树(gene tree) 63
 基因替换(gene substitution) 22–25, 31–32
 的固定概率(fixation probability of) 22–23
 的固定时间(fixation time of) 23–25
 新达尔文主义与(neo Darwinism and) 26
 中性学说与(neutral theory and) 26–27
 的速率(rate of) 24–25
 基因型(genotypes) 适合度 17–18
 基因选择(genic selection) 18–19 另见共显性
 固定概率(fixation probability) 22–23
 基因转变(gene conversion) 127
 协同进化与(concerted evolution and) 100–102

- 方向(direction) 101
 非等位基因的(nonallellic) 101
 基因组(genome(s)) 123–128 另见具体类型, 如线粒体基因组
 C 值(c values) 123 另见基因组大小
 真核生物的结构(eukaryotic structure) 126–129
 细菌中的 GC 含量与(GC content in bacteria and) 131–133
 遗传重排(genetic resetting) 118–119
 非基因 DNA 与(nongenic DNA and) 131
 细胞器(organelle) 52–54
 对~的转座影响(transposition effects on) 115–116
 脊椎动物中的组织化(vertebrate organization) 132–138
 基因组重复(genome duplication) 83, 129
 基因组大小(genome size) 88
 DNA 重复与(DNA duplication and) 83
 真核生物的(of eukaryotes) 125–126
 在细菌中的进化(evolution in bacteria) 123–125
 增加机制(mechanisms for increasing) 129–131
 区域性增加(regional increase) 130–131
 基因组的重排(genomic rearrangements), 受可转座因子促进的 116
 基因组加倍(genome doubling) 见基因组重复
 基因组假说(genome hypothesis) 55–56
 基因座位(loci) 16
 上的基因多样性(gene diversity at) 24–25
 多态的(polymorphic) 24–25 另见多态性
 激素基因(hormone gene) 43
 吉姆萨分带(Giemsa banding) 134
 脊椎动物基因组(vertebrate genome),
 组成上的组织化 132–138
 棘皮类(echinoderms), c 值 125
 剂量重复(dose repetitions) 87
 加工后基因(processed genes), 111–112
 另见反录基因
 加工后假基因(processed pseudogenes) 111, 112–116
 的进化(evolution of) 115–116
 加工后序列(processed sequences) 111 另见反录序列
 甲基化(methylation) 55
 甲壳类(crustaceans), c 值 125
 甲硫氨酸(methionine) 10
 甲酰甲硫氨酸(formylmethionine) 10, 77
 甲状旁腺激素基因(parathyroid hormone gene) 43, 44
 甲状腺球蛋白β(thyroglobulin β) 50
 假基因(pseudogenes) 44–45, 50–51, 75–76, 87, 90, 92–93,
 102–103, 122, 128, 56, 85–86, 100, 103–104, 105–107, 119, 141,
 的核苷酸替换模式(pattern of nucleotide substitutions) 53–55
 加工后的(processed) 89, 111–116, 122
- 另见反录假基因
 的核苷酸替换速率(rates of nucleotide substitutions in) 44–46
 通过基因转变复活(resurrection by gene conversion) 102
 未加工的(unprocessed) 89–91, 122
 间隔序列(intervening sequences), 见内含子
 简并类型(degeneracy classes), 核苷酸位点 34
 减数分裂(meiosis) 9–10, 100–101, 125–126, 131
 交换(crossing over), 不等价, 见不等价交换
 酵母(yeast) 另见 *Saccharomyces cerevisiae*
 同义密码子的非随机应用(nonrandom usage of synonymous codons) 55–57
 rRNA 基因(rRNA gene) 88
 可转座因子(transposable elements) 116
 结构基因(structure genes) 7 另见为蛋白质编码的基因, 确定 RNA 的基因
 植物线粒体中的(in plant mitochondria) 52
 原核生物中的(in prokaryotes) 8–9
 在细菌中的转录(transcription in bacteria) 7–8
 结构组件(structural module(s)) 83, 另见域
 截尾(truncation), 加工后假基因 112–113
 金属巯基组氨酸三甲(基)内盐 II 基因(metallothionein II gene) 44
 进化的维苏威模式(Vesuvian mode of evolution) 114–116
 进化的综合学说(synthetic theory of evolution) 26–27
 支序图(cladogram), 又译进化树 68, 72
 进化速率(evolutionary rate), 功能限制与, 45–47
 支序(clades) 71–72
 人与猿(humans and apes) 73
 支序系统学(cladistics), 与表型学对应 68–69
 近邻结合法(neighbor joining method), 用于系统树构建的 67
 精氨(基)琥珀酸合成酶基因(argininosuccinate synthetase gene) 113
 精氨(基)琥珀酸裂解酶(argininosuccinate lyase) 98–99
 距离法(distance methods) 69
 距离指数(distance index), 线性排列中的 36–37
 决定互补性的区域(complementarity determining regions, CDRs) 45–46
 决(确)定性模型(deterministic models) 16
 绝对适合度(absolute fitness) 17
 蕨类(pteridophytes), C 值 125
 K
 开读框架(open reading frames, ORFs) 52, 107, 109–110, 128
 可(移)动因子(mobile elements) 见可转座因子。
 可转录因子(transcribed genes), 基因组位置 129
 可转座因子(transposable elements) 106–110, 119–120, 123–124, 129–130

- 定义(defined) 105
 供体部位(donor site) 106–107
 拷贝数的进化动力学(evolutionary dynamics of copy number) 119–120
 基因表达与(gene expression and) 115–116
 插入序列(insertion sequences) 106–107, 123–124
 P-M劣势与(P M dysgenesis and) 117–118
 反录因子(retroelements) 107–110
 靶部位(target site) 106
 转座子(transposons) 106–108
 空缺碱基(null base), 线性排列中的 34–36
 框架移动突变(frame shift mutation) 14, 89–90
 昆虫(insects) C 值 125
- L**
- 蓝色素基因(blue pigment gene) 89
 蓝细菌(cyanobacteria) 77–78, 123, 124–125
 人类猿科(hominoidea) 系统发育 72–76
 相似性指数(similarity index) 线性排比中的 36
 鲤(Cyprinus carpio), C 值 134–135
 利福平(rifampicin) 77
 连接酶(ligase) 37
 链霉素(streptomycin) 77
 两倍体(diploid) 17, 19
 两栖类(amphibian), C 值 124–125
 劣势(dysgenesis), 杂种 116–119
 裂缝(gap(s)) 14, 34–36
 最小化(minimization) 36–37
 末端的(terminal) 35–36
 裂缝处罚(gap penalty) 36–37
 磷酸丙糖异构酶基因(triosephosphate isomerase gene) 113
 磷酸二酯键(phosphodiester bonds) 6–7
 磷酸甘油酸激酶多(基因)家族(phosphoglycerate kinase(PGK)multifamily) 111, 113
 鳞翅目(lepidoptera) 81–82
 灵长类(primates), 核苷酸替换速率 51–52
 绿色素基因(green pigment gene) 89
 绿色藻类(gree algae) 77–78
 氯霉素(chloramphenicol) 77
 卵类粘蛋白基因(ovomucoid gene), 域重复与 85–87
 裸子植物(gymnosperms), C 值 125
- M**
- 猫(cats), 来自狒狒的病毒基因水平转移 120–122
 猫白血病反录病毒(feline leukemia retrovirus) 109–110
 猫科(felidae) 120–122
 帽子部位(cap site) 7–8, 111
 酶(enzymes)
- 异型酶(allozymes) 88
 同功酶(isozymes) 88–89
 限制酶(restriction) 见限制性内切核酸酶
 孟德尔式分离(Mendelian segregation) 19
 孟德尔主义(Mendelism) 26
 嘧啶(pyrimidines) 6, 11–12
 密码子(codon) 9–10
 中的核苷酸替换(nucleotide substitution in) 11–13
 同义的(synonymous) 见同义密码子类型 10
 应用模式(usage pattern) 55–59
 密码子—反密码子配对(codon anticodon pairing) 56–57
 密码子族(codon family) 10
 免疫球蛋白基因(immunoglobulin genes) 43
 高可变区(hypervariable regions) 45–46
 内部域重复(internal domain duplications) 85–87
 中的非同义与同义替换对应(nonsynonymous versus synonymous substitutions in) 45–46
 中的核苷酸替换速率(rates of nucleotide substitutions in) 43
 灭绝(extinction), 等位基因 20–21
 膜翅目(hymenoptera) 129
 木村的两参数模型(Kimura's two parameter model) 30–32, 33–34, 41
- N**
- 南非斑驴(quagga) 80
 南美有袋类(south American marsupials), 澳大利亚有袋类与 88–81
 内部重复(internal repeats) 83, 114
 内共生学说(endosymbiotic theory) 77–78
 内含子(intron(s)) 7–8, 25, 52, 58–59, 83, 85–87, 93–94, 103, a14 a 97–98
 外显子插入(exon insertion into) 见外显子混匀的丧失(loss of) 84–85
 的数目(number of) 8–9
 的相位(phases of) 95–96
 内含子编码的蛋白质(intron encoded proteins), 变通的拼接与 97–98
 内切核酸酶(endonucleases) 97
 内源性反录病毒序列(endogenous retroviral sequences) 120–122
 内转录间隔(internal transcribed spacer) 99
 拟反录病毒(pararetroviruses) 108–1108
 “粘性末端” (“sticky ends”) 37
 鸟类(bird), C 值 125
 鸟嘌呤(guanine) 6–7
 尿激酶(urokinase) 93–94
 尿激酶原(prourokinase) 94

- 尿激酶—血纤蛋白溶酶原活化因子基因 (urokinase plasminogen activator gene) 43
 尿嘧啶(uracil) 7
 啮齿类(rodents)
 核苷酸替换速率(nucleotide substitution rates) 50, 51–52
 反录假基因(retropseudogenes) 113
 凝血酶(thrombin) 87
 凝血酶原(prothrombin) 93–94
 纽结杆状组件(Kringle module) 93–94
- P**
- 爬行类(reptiles), 72
 C 值(c values) 125
 配子(gametes), 随机取样 20–21
 配子的随机取样(random sampling of gametes) 19–20
 匹配碱基(matched bases), 对子 34–36
 嘧呤(purines) 6, 11–12
 拼接(splicing), 变通的 97
 拼接功能(splicing function) 见 拼接位点 拼接位点 (splicing sites) 8, 37, 85, 97–98
 平衡选择(balancing selection) 18–19, 20–21, 26
 平行相关(paralogy) 90–91
 瓶颈(bottleneck) 22, 27
 普里伯劳块(Pribnow box) 8–9
 普适遗传密码(universal genetic code) 10, 34–35
- Q**
- 期望杂合度(expected heterozygosity) 24–25
 起始密码子(initiation codon)
 迁移(migration) 16, 20
 前病毒(provirus) 108–109
 前 mRNA(pre mRNA) 7–8, 111
 前生物进化(prebiotic evolution) 5
 前胰岛素原 I 基因(preproinsulin I gene) 103, 111–112
 前胰岛素原 II 基因(preproinsulin II gene) 103, 111–112
 羟黄嘌呤磷酸核糖基转移酶基因(hydroxanthine phosphoribosyltransferase gene) 43
 强化因子(enhancers) 115–116
 强键(strong bond) 6
 切离修复(excision repair) 14
 氢键(hydrogen bonds), 形成互补碱基配对 6
 区域性重复(regional duplication) 83
 区域性重复序列(localized repeated sequences) 125–128
 趋同进化(convergent evolution) 80
 取样(sampling), 随机 19–20
 醛缩酶(alcohol dehydrogenase), 同功酶 88
 醛缩酶 A 基因(alcohol dehydrogenase A gene) 43–44, 50
 缺失(deletions) 11–14, 34–35, 52, 114, 116
 确定 RNA 的基因(RNA specifying genes) 7, 8–10, 88, 125–126,
- 另见结构基因
 群体大小(population size) 19–20
 有效(effective) 20–22
 固定概率与(fixation probability and) 22–23
 随机遗传漂变与(random genetic drift and) 20–21
 群体分化(population splitting), 基因分化与 63
 群体遗传学(population genetics) 5, 16
 等位基因频率变化(allele frequency changes) 16–17
 有效群体大小(effective population size) 20–22
 基因替换(gene substitution) 22–25
 自然选择(natural selection) 17–19
 新达尔文学说(neo Darwinian theory) 26–27
 中性突变假说(neutral mutation hypothesis) 26–27
 多态性(polymorphism) 24–26
 随机遗传漂变(random genetic drift) 18–20
- R**
- 染色单体(chromatid) 110–101
 染色体(chromosome) 83
 基因转变与(gene conversion and) 100–102
 机制不相容性(mechanical incompatibility) 83
 不等价交换与(unequal crossing over and) 69, 71
 染色体重复(chromosomal duplication) 83, 129–130
 部分的(partial) 83
 热冲击蛋白质(heat shock proteins) 98–99
 人 大猩猩 黑猩猩 三分叉(human gorilla chimpanzee) 73–76
 人的基因(human genes)
 密码子应用模式(codon usage patterns) 56–58
 核苷酸替换速率(nucleotide substitution rates) 51
 反录假基因(retropseudogenes) 113
 人科(hominidae) 72–73
 人类的系统发育(human phylogeny) 72–76
 溶菌酶(lysozyme) 87
 中的正选择(positive selection in) 48
 肉足类(原生动物)(sarcodina) C 值 125
 乳牛(cows), 中的溶菌酶 48–49
 乳清蛋白(lactalbumin) 87
 乳酸脱氢酶(lactate dehydrogenase) 103
 同功酶(isozymes) 88–89
 乳酸脱氢酶 A 基因(lactate dehydrogenase A gene) 43–44, 50
 乳酸脱氢酶 B 基因 98–99
 软体动物(mollusks), C 值 125–126
 弱键(weak bond) 6
- S**
- 萨塔斯和特韦尔斯基法(Sattath and Tversky's method)
 见近邻关系法
 三色性(trichromotism) 89–90

- 三体(trisomies)129–130
 散在重复序列(dispersed repeated sequence)127–129
 色敏感色素蛋白(color sensitive pigment proteins)89
 色素蛋白(pigment protein), 色敏威的89
 鲨(sharks), C值125–126
 上游方向(upstream direction), DNA序列1
 深色海滩雀(dusky seaside sparrow)80–81
 生命的起源(origin of life)5
 生长激素基因(growth hormone gene)43–44, 50
 生长激素释放抑制因子–28
 基因(somatostatin 28 gene)43
 生长因子组件(growth factor module)94
 生殖(reproduction), 有差别的, 见自然选择
 识别顺序(recognition sequences)37, 39
 世代时间效应(generation time effect)51–52
 适合度(fitness)17–19, 127–1289 另见自然选择
 绝对(absolute)17
 相对(relative)17
 嗜热细菌(thermophilic bacteria)131, 137
 噬菌体Mu(bacteriophage Mu)105, 107–108
 噬菌体Φx174 96
 噬菌体, 转座124
 收缩系统蛋白基因(contractile system protein gene)43
 受体部位(acceptor site)8, 116
 双翅目(diptera)81–82
 双链DNA(double stranded DNA)
 反向平行结构(antiparallel structure)6–7
 DNA–DNA杂交与(DNA DNA hybridization and)40
 后随链(lagging strand)55
 前导链(leading strand)55
 热稳定性(thermal stability)40
 双子叶植物(dicotyledons)53
 水平基因转移(horizontal gene transfer)119, 119–122
 水平进化(horizontal evolution)另见协同进化
 顺向重复(direct repeats)105
 顺序 距离法(sequence distance method), 顺序线性排比中的35–37
 点阵法(dot matrix method)35–36
 顺序 距离法(sequence distance method)顺序线性排比中的35–37
 “死基因” (“dead genes”)见假基因
 四重简并核苷酸位点(fourfold degenerate nucleotide sites)34–35, 44–45
 四点条件(four point codition)66–67
 硫尿嘧啶核苷(4 thiouridine)56–57
 松驰肽基因(relaxin gene)43
 速率恒定假定(rate constancy assumption)48–49, 91
 随机交配(random mating)17
 随机模型(stochastic models)16
 中性学说与(neutral theory and)26
 随机遗传漂变(random genetic drift)16–17, 18–21, 48–49
 梭状芽孢杆菌(clostridia)132
 T
 糖蛋白激素α亚基(glycoprotein hormone α subunit)51
 唐氏综合症(Down's syndrome)129
 特征状态法(character state methods)69
 体细胞突变(somatic mutations)11
 替换(substitution)见基因替换, 核苷酸替换
 条件固定时间(conditional fixation time)23–24
 调节基因(regulatory gene)7, 9–10, 125–126
 铁氧还蛋白(ferredoxin), 内部域重复85–87
 同功酶(isozymes)88–89
 同义密码子(synonymous codons)10
 非随机应用(nonrandom usage)55–59
 同义替换(synonymous substitutions)11–13, 55–59, 91, 97 另见核苷酸替换
 与非同义替换对应(nonsynonymous substitutions versus)45–46
 速率(rates)42–45, 52–54
 两为蛋白质编码序列间的(between two protein coding sequences)33–34
 基因间的变异(variations among genes)47
 同义位点(synonymous sites)46–47 另见四重简并位点
 同源双链DNA(homoduplex DNA)40
 同源序列(homologous sequences), 分歧42
 同质段(isochores)52, 156, 158
 中的基因位置(gene location within)134, 136
 起源(origin)136–138
 突变(mutation(s))11–14, 16, 20–20 另见核苷酸替换
 有利的(advantageous)见有利突变
 定义(defined)11
 缺失(deletions)12–14
 框架移动(frameshift)14
 细菌中的GC含量与(GC content in bacteria and)132–133
 热点(hotspot)14
 插入(insertions)12–14
 中性的(neutral)见中性突变
 点(point)11, 53–54
 体细胞的(somatic)11
 空间分布(spatial distribution)14
 自发的(spontaneous)53–55
 同义的(synonymous), 见同义密码子, 同义替换
 类型(types)11
 突变的热点(hotspots of mutation)14
 突变率(rate of mutation)23–25, 45, 46–48

- 突变论者的假说(mutationist hypothesis)137–138
 突变模式(mutation pattern)53–55
 推论的系统树(inferred phylogenetic trees)62–63 另见系统树
 脱氧核糖(deoxyribose)6
 脱氧核糖核酸(deoxyribonucleic acid), 见DNA
 拓扑图(学)(topology), 见系统树
W
 外膜蛋白II基因(outer memberane protein II gene, *omp* A)56
 外显子(exon(s))8, 25, 83, 93–94, 97
 不对称的(asymmetrical)95, 103
 类型(classes)95
 域与(domains and)83–85
 空间分布(spatial distribution)8–9
 对称的(symmetrical)95, 103
 外显子插入(exon insertion)92–93, 95
 外显子重复(exon duplication)84–86, 92–94, 另见DNA重复, 域重复
 外显子混匀(exon shuffling)83, 92–96
 镶嵌蛋白质与(mosaic proteins and)93–94
 相位限制(phase limitations)93–96
 外源性基因(exogenous genes)106–107
 外转录间隔(external transcribed spacers)99
 完全变态昆虫(holometabola)81
 为蛋白质编码的基因(protein coding genes)7–9, 102, 123–124, 143–144, 另见结构基因
 叶绿体中的(in chloroplasts)52
 真细菌中的(in eubacteria)8–9
 哺乳动物线粒体中的(in mammalian mitochondria)52
 核苷酸替换(nucleotide substitution)11–14, 32, 34
 植物线粒体中的(in plant mitochondria)52
 替换速率(substitution rates)42–45
 在真核生物中的转录(transcription in eukaryotes)8
 在原核生物中的转录(transcription in prokaryotes)8–9
 卫星DNA(satellite DNA)127, 129–130, 131
 稳定化选择(stabilizing selection)18–19
 无根系统树(unrooted phylogenetic trees)61–62, 69
 寻根(rooting), 70–71
 无颌鱼类(agnathes)91–92
 C值(c values)125
 无义密码子(nonsense codon)见终止密码子
 无义突变(nonsense mutations)11–13
 物种分歧时间(species divergence times)
 估计(estimate)70–71
 人与猿(human and ape)72–76
 物种树(species trees)62–63
 物种形成(speciation), 转座与118–119
 误义突变(missense mutations)11–13
X
 系统发育(phylogeny)5, 49, 60–81
 特征状态法(character-state methods)69
 支序(clades)69–70
 保护生物学与(conservation biology and)80–81
 距离法(distance approaches)69
 在基因重复事件的年代测定中(in gene duplication event dating)90–92
 人与猿(humans and apes)72–76
 分子数据的影响(impact of molecular data)60
 线粒体与叶绿体(mitochondria and chloroplast)77
 分子古生物学(molecular paleontology)77, 80
 物种分歧时间估计(species divergence time estimation)71
 系统树(phylogenetic tree(s))60–72
 加性的(additive)61–62
 两分叉节点(bifurcating nodes)61–62
 分枝(brances)61
 分枝模式(branching pattern)61, 另见拓扑图
 枝长(branch length)61, 69–70
 定义(defined)61
 外部节点(external nodes)61
 基因(gene)63
 水平基因转移与(horizontal gene transfer and)121
 推论的(inferred)62–63, 69
 内部节点(internal nodes)61
 最节省(maximum parsimony)67
 多分叉节点(multifurcating nodes)62
 节点(nodes)61
 构建法(reconstruction methods)64–68, 另见系统树构建
 用于相对速率测验的(for relative rate test)49–50
 有根的(rooted)61–62
 寻找无根树的根(rooting unrooted trees)70–71
 有尺度的分枝(scaled branches)61
 物种(species)63
 拓扑图(topology)61–66 另见系统树构建
 无根的(unrooted)61–62, 67–68, 70, 76–77
 无尺度的分枝(unscaled branches)61
 细胞角蛋白内A基因(cytokeratin endo A gene)113
 细胞器DNA(organelle DNA), 中的替换速率, 52–54, 另见线粒体
 叶绿体
 细胞色素C(cytochrome C)48–49
 细胞色素C基因(cytochrome C gene)48–493, 113
 细胞型(cytotype)117
 细菌(bacteria)
 GC含量(GC content)131–134

- 中的基因组大小的进化(genome size evolution in)123–124
 细菌转座子(bacteria transposons)107–108, 115–116
 下游方向(downstream direction), DNA 序列 6
 纤毛虫(ciliophora), C 值 125
 纤毛虫类(ciliates)77–78
 纤维糖素(fibronectin)93–94
 限制片段模式(restriction fragment patterns)37, 38–40, 79–81
 限制图谱(restriction map)37–39, 38–40, 41
 限制位点(restriction sites)37, 99–101
 限制性内切核酸酶(restriction endonucleases)37–40
 Bam I 38–39
 Bbv I 37–39
 Bgl II 101
 EcoR I 37, 39, 100
 Hae III 37–39
 Hind II 37, 100
 HindIII 38–39
 Hinf I 37–39
 Hpa I 99–100
 Nci I 37–39
 Not I 37–39
 Pvu II 101
 识别顺序(recognition sequences)37–39
 拼接位点(splicing site)37
 粘性末端(sticky ends)37
 线粒体 DNA(mitochondrial DNA)79–81
 线粒体基因组(mitochondrial genomes)10, 95–96
 的内共生起源(endosymbiotic origin of)77
 哺乳动物的(mammalian)52–53
 植物(plant)52–53
 线粒体遗传密码(mitochondria genetic code), 哺乳动物的 10–11
 线性排比(alignment)34–37
 点阵法(dot matrix method)25–36
 顺序 距离法(sequence distance method)35–37
 腺嘌呤(adenine)6–7
 相对适合度(relative fitness)17
 相对速率测验(relative rate test)49–50
 人对猴的(for humans versus monkeys)50–51
 小鼠对大鼠的(for mice versus rats)50
 啮齿类对灵长类的(for rodents versus primates)51–52
 镶嵌蛋白质(mosaic proteins)93–94
 小白蛋白(parvalbumin), 内部域重复 86–87
 小分子细胞核 RNA(small nuclear RNA), 见 snRNA 基因 小分子细胞质 RNA(small cytoplasmic RNA), 见 scRNA 基因
 小鼠(mice), 核苷酸替换速率 50
 协同进化(concerted evolution)92–93, 98–103
- 进化论含意(evolutionary implications)101–103
 机制(mechanisms)100–102
 心房钠泵因子(atrial natriuretic factor)50
 新达尔文学说(neo Darwinian theory)26–27
 信使 RNA(messenger RNA), 见 mRNA
 信息位点(informative sites)67–68, 75–76, 81
 猩猩科(pongidae)73 猩猩亚科(ponginae)73
 性别决定(sex determination), 变通的拼接与, 97–98
 性致死基因(sexlethal(sxl)gene)6–7
 胸腺嘧啶(thymine)1–3 选择(selection), 见自然选择
 选择论者的假说(selectionist hypothesis)136–137
 选择强度(selection intensity), 核苷酸替换速率与, 47
 选择优势(selective advantage)见有利突变
 固定概率与(fixation probability and)22–24
 固定时间与(fixation time and)23–24
 选择中性(selective neutrality)55 另见中性突变
 下的核苷酸替换模式(pattern of nucleotide substitution under)53–54
 选择主义(selectionism)26
 与中性主义对应(neutralism versus)27
 血红蛋白(hemoglobin)48–49
 恒春(Constant Spring)85
 Icaria 85
 血红蛋白基因(hemoglobin genes)92, 另见珠蛋白基因
 中的核苷酸替换速率(rate of nucleotide substitutions in)43
 血清白蛋白(serum albumin)43, 85–86
 内部域重复(internal domain duplication)85–86
 血纤蛋白(fibrin)93
 血纤蛋白溶解作用(fibrinolysis)92
 血纤蛋白溶酶原(plasminogen)93–94
 内部域重复(internal domain duplication)85–86
 血纤蛋白原(fibrinogen)94
 r 基因(r gene)43
 血液凝固(blood coagulation)93–95
- Y**
 鸦片黑素皮质激素原基因(proopiomelanocortin gene)50, 113
 亚基因组环的 DNA(subgenomic circular DNA)52
 亚种(subspecies)80
 烟酰胺腺嘌呤二核苷酸(nicotinamide adenine dinucleotide(NAD'))89
 眼虫类(euglenozoa), C 值 125
 (眼)晶体蛋白(crystallins), 基因分享 97–99
 摆摆(wobbling)56–57
 野生型等位基因(wild type allele), 突变型等位基因替代 22–25
 叶猴(langurs), 的溶菌酶 48–49
 叶绿体基因组(chloroplast genomes)10

- 的内共生起源(endosymbiotic origin of) 77–78
 替换速率(substitution rates) 52–54
 依赖 DNA 的 RNA 多聚酶(DNA dependent RNA polymerase), 见 RNA 多聚酶
 依赖 S 腺苷甲硫氨酸的甲基化酶(s adenosylmethionine dependent methylase) 107
 依赖 V_k 的钙结合组件(vitamin K dependent calcium binding module) 93–94
 胰蛋白酶(trypsin) 85, 87, 93–94
 胰岛素基因(insulin gene), 中的核苷酸替换速率 43–44
 A 和 B 链(A and B chains) 46–47
 C 肽基因(C peptide gene) 46–47
 胰岛素样生长因子 II 基因(insulin like growth factor II gene) 43, 50
 胰岛素原基因(proinsulin gene), 替换的速率 46–47
 遗传重排(genetic recombination) 119
 遗传多态性(genetic polymorphism) 见多态性
 遗传密码(genetic code) 9–11
 的简并(degeneracy of) 10, 55
 哺乳动物线粒体的(mammalian mitochondrial) 10–11, 34–35
 普适的(universal) 10., 34–35
 乙肝病毒(hepatitis B virus) 109–110
 乙酰胆碱受体 α 亚基基因(acetylcholine receptor α subunit gene) 43
 异染色质(heterochromatin) 129–130
 异型酶(allozymes) 88, 89
 异源双链 DNA(heteroduplex DNA) 40
 易位(translocation) 116
 因子 IX 基因(factor IX gene) 93–94
 外显子定位(exon localization) 8–9
 应答者基因座位(Responder locus), 果蝇 (*D. melanogaster*) 127–128
 用于系统树构建的近邻关系法(neighbor relation methods for tree reconstruction) 66–67, 68, 81
 人与猿的(for humans and apes) 75
 有差别的生殖(differential reproduction), 见自然选择
 有袋类(marsupials), 分子古生物学 80
 有根的系统树(rooted phylogenetic tree) 61–62
 有功能基因(functional gene), 与加工后假基因对应 112–113
 有害突变(deleterious mutation) 固定概率(fixation probability) 23
 固定时间(fixation time) 17, 23–24, 45–46, 87
 有利突变(advantageous mutation(s)) 16–18, 26–27, 45–46, 48–49 另见正选择
 的固定概率(fixation probability of) 22–23
 的固定时间(fixation time of) 23–24
 基因替换的速率(rate of gene substitution) 24
 有利选择(advantageous selection) 17, 45–46, 另见正选择
 有丝分裂(mitosis) 9–10, 100–101, 125–126, 131
 有效群体大小(effective population size) 20–23, 27
 长期(long term) 22
 有意义密码子(sense codons) 10, 85
 中的核苷酸替换(nucleotide substitution in) 11–13
 诱变剂(mutagens) 52–53, 131
 鱼类(fishes), C 值 125
 域(domain(s))
 定义(defined) 83
 外显子与(exons and) 83–85 另见外显子中的条目
 功能的(functional) 46, 83
 结构的(structural) 46, 83, 另见组件
 域重复(domain duplication) 84–87
 卵类粘蛋白基因与(ovomucoid gene and) 85–87
 的普遍性(prevalence of) 85–87
 原核生物(prokaryotes)
 内共生学说与(endosymbiotic theory and) 77–78
 中的结构基因(structural genes in) 8–9 原肌球蛋白(tropomyosin), 非肌的 113
 原肌球蛋白 α 链(tropomyosin α chain)
 内部域重复 85–87
 原生生物(protists) 77–78
 猿类(apes), 的系统发育 72–76
 阅读框架(reading frame) 6–9
Z
 杂合子(heterozygotes)
 共显性与(codominance and) 18–19
 超显性与(overdominance and) 18–19
 配子的随机取样与(random sampling of gametes and) 19
 杂种 DNA(hybrid DNA) 见异源双链 DNA
 杂种劣势(hybrid dysgenesis) 116–118
 物种形成与(speciation and) 118–119
 载脂蛋白基因(apolipoprotein genes) 43–44, 46–47
 载脂蛋白 A I 43, 50–51
 载脂蛋白 A IV 43–44
 载脂蛋白 E 43–44, 50
 藻类(algae), C 值 125
 沼泽地人(bog people) 80
 真骨鱼(bony fishes), C 值 125
 真核生物(eukaryotes)
 内共生学说与(endosymbiotic theory and) 77–78
 基因结构(gene structure) 6, 84–85
 基因组重复(genome duplication) 129
 基因组大小(genome size) 124–127
 为蛋白质编码基因的结构(protein coding gene structure) 7–9

- 重复基因组结构(repetitive genome structure)125–129
 真菌(fungi)77–78
 真实系统树(true phylogenetic trees)70, 另见系统树构建
 真细菌(eubacteria)77–78
 C值(C values)123–124
 中的GC含量(GC content in)131–133
 中的为蛋白质编码基因(protein coding gene in)8–9
 正选择(positive selection)17, 45–46, 另见有利突变
 乳牛和叶猴的溶菌酶中的(in lysozymes of cow and langurs)48–49
 支原体(mycoplasmas)123–124, 132
 rRNA基因(rRNA genes)88
 枝长估计(branch length estimations)69–70
 直翅目(orthoptera)81–82
 指状组件(finger module)93–94
 植物基因组(plant genomes), 替换速率52–54
 植物线粒体基因组(plant mitochondrial genome)52–54, 77
 替换速率(substitution rates)52–53
 质粒(plasmids)107–108
 中的DNA起源(DNA originating in)123–124
 质体(plastids), 见叶绿体
 中度重复DNA(middle repetitive DNA)125–127
 中性突变(neutral mutation)17, 45–46, 另见选择中性的固定概率(fixation probability of)22–23
 的固定时间(fixation time of)23–24
 基因替换的速率(rate of gene substitution)24–25, 45–46
 终止密码子(stop codons, termination codons)8, 9–11, 85, 89–90, 97–98
 框架移动突变与(frameshift mutation and)14
 肿瘤抗原P53基因(tumor antigen P53 gene)113
 种系细胞(germ line cells), 中的突变, 见突变
 朱克斯和坎托的一参数模型(Jukes and Cantor's one parameter model)28–31, 32–34, 41
 朱克斯和坎托公式(Jukes and Cantor's formula)34
 珠蛋白基因(globin gene)另见某些具体类型, 如肌红蛋白
 染色体位置(chromosomal location)92
 进化史(evolutionary history)92–93
 家族(families)88, 92–93
 GC含量(GC content)134–137
 进化中的内含子丧失(intron loss during evolution)84–85
 超家族(superfamily)88, 92–93
 珠蛋白假基因(globin pseudogenes), 缺陷89–91
 主组织相容复合体基因(major histocompatibility complex genes)102–103
 中的非同义对同义替换(nonsynonymous versus synonymous substitution in)45–46
 转化基因(transformer (tra) gene)97–98
- 转换(transition)11–12, 30–32, 34–35
 转录(transcription)7–8, 77, 111, 129
 转录起始部位(transcription initiation site)7–8, 102
 转录终止部位(transcription termination site)7–8
 转移RNA (transfer RNA)见tRNA
 转座(transposition)101–102, 105–122, 129–130
 保守(型)(conservative)105–107
 定义(defined)105
 重复型(duplicative)105–107
 对宿主基因组的效应(effects on host genome)115–116
 水平基因转移(horizontal gene transfer)119–122
 杂种劣势与(hybrid dysgenesis and)135–137
 复制型(replicative)105–107, 128
 反录序列与(retrosequences and)110–116
 物种形成与(speciation and)118–119
 可转座因子拷贝数与(transposable element copy number and)119–120
 可转座因子与(transposable elements and)106–110
 类型(types)105
 转座酶(transposase)106–107
 转座噬菌体(transposing bacteriophages)107–108
 转座子(transposons)106–108
 复合(complex)107
 合成(composite)107
 对宿主基因组的效应(effects on host genome)115–116
 Tn3 107
 Tn9 107
 Tn10 105, 116
 Tn21 107–108
 Tn554 107–108
 Tn1107–108
 “转座子酵母”(“transposon yeast”), 见Ty因子着丝粒(centromere)
 紫(色)细菌(purple bacteria), α分枝77–78
 自发突变(spontaneous mutation), 模式53–55
 自然选择(natural selection)16–19, 131
 有利的(advantageous)17
 共显性的(codominant)18–19
 定义(defined)17
 固定概率与(fixation probability and)22–23
 固定时间与(fixation time and)23–24
 负的(negative)17
 新达尔文主义(neo Darwinism and)26–27
 超显性的(overdominant)14, 16–17
 正的(positive)17,
 纯洁化(purifying)17
 自身折回DNA(foldbackDNA)125–127

“自私 DNA” (“selfish DNA”) 115–116, 131	在寻找无根树的根中的 (in rooting unrooted trees) 70–71, 74–75
阻遏物 (repressor) 8	
组成同化 (compositional assimilation), 假基因与 115–116	变形距离法中的 (in transformed distance method) 66
组蛋白基因 (histone genes) 8–9, 87	组织血红蛋白溶酶原激活剂 (tissue plasminogen activator, TPA) 93–94
中的 核 苷 酸 替 换 速 率 (rate of nucleotide substitutions) 42–44, 46–47	最大简约法 (maximum parsimony methods), 64, 67–69, 79, 82
组件 (module(s)) 83, 另见域	用于人与猿的 (for humans and apes) 75–76
组外单位 (outgroup), 另见系统树	用于有袋类的 (for marsupials) 80