第一图书网, tushu007.com

<<常用生物数据分析软件>>

图书基本信息

书名：<<常用生物数据分析软件>>

13位ISBN编号：9787030206220

10位ISBN编号：7030206223

出版时间：2008-5

出版时间：科学出版社

作者：王俊 等 著

页数：364

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

第一图书网, tushu007.com

内容概要

本书较为系统全面地介绍了生物信息学分析各个方面的软件用法，结合光盘具体实例，方便使用。
全书共分8章，内容包括：Unix/Linux操作系统介绍，介绍了基本的Unix/Linux操作命令；数据的基本处理，介绍了如何处理常用的生物信息学数据；序列的比对，介绍了常用比对软件的用法及其在应用过程中要注意的问题；基因组/基因的注释，介绍了Coding和Non-Codoing基因的预测方法；SNP分析，介绍了常用的从生物学数据中寻找SNP的软件；进化分析专题，介绍了几种分子进化分析软件，内容涉及进化树的构建、Ka/Ks的计算等；基因表达分析专题，介绍了EST及生物芯片分析的流程和方法；蛋白质结构预测，介绍了蛋白质三维结构预测的流程及方法。
本书适合于生物信息学专业本科生及研究生使用。

<<常用生物数据分析软件>>

书籍目录

序前言第1章　Unix/Linux操作系统介绍1.1　远程登录1.2　文件的复制、删除和移动命令1.3　目录的创建、删除及更改目录命令1.4　文本查看命令1.5　文本处理命令1.6　改变文件或目录的权限命令1.7　备份与压缩命令1.8　磁盘及系统管理1.9　软件安装简介1.10　其他第2章　数据的基本处理2.1　数据常用格式介绍2.2　测序原理介绍2.3　華图转化（Phred）2.4　文件转换（phd2fasta）2.5　载体屏蔽（cross_match）2.6　序列聚类拼接2.7　Consed2.8　引物设计（Primer3）主要参考文献第3章　序列的比对3.1　全局比对3.2　局部比对主要参考文献第4章　基因组/基因的注释4.1　重复序列分析4.2　RNA分析4.3　基因预测4.4　基因功能注释主要参考文献第5章　SNP分析5.1　Polyphred5.2　SNPdetector5.3　cross_match主要参考文献第6章　进化分析专题6.1　Phylip6.2　Paml6.3　KaKs_Calculator6.4　FGF6.5　MEGA主要参考文献第7章　基因表达分析专题7.1　EST表达序列标签分析7.2　生物芯片分析7.3　Motif预测主要参考文献第8章　蛋白质结构预测8.1　蛋白质结构知识介绍8.2　蛋白质结构预测方法8.3　蛋白质结构预测的Threading方法8.4　蛋白质三维结构预测流程介绍主要参考文献

编辑推荐

《常用生物数据分析软件》从实际使用的具体分析工具入手，对信息分析的几个主要方面进行了最为细致的讲解，包括软件的安装、输入输出数据的格式说明、常用参数的选取等，并配以实例数据方便大家熟悉及使用。
《常用生物数据分析软件》还附赠光盘，其中的每个软件都对应于相应的目录。
该书可供各大专院校作为教材使用，也可供从事相关工作的人员作为参考用书使用。

第一图书网, tushu007.com

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