

<<生物信息学应用技术>>

图书基本信息

书名：<<生物信息学应用技术>>

13位ISBN编号：9787122010766

10位ISBN编号：7122010767

出版时间：2008-1

出版时间：化学工业出版社

作者：王禄山，高培基 主编

页数：253

字数：375000

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>

<<生物信息学应用技术>>

内容概要

本书从生物大分子转化成生物数据（残基序列、原子坐标等）过程开始，介绍了生物信息数据及其存放的格式、数据库的分析工具与检索策略；结合当前生物信息学技术发展趋势，全书被按照序列 - 结构 - 功能的思路进行组织，为读者认识与分析生物学规律提供新的思路；背景、原理、方法和分析操作相结合，是一本实用的生物信息学实验手册与操作指南。

本书取材精当，讲述简明，面向生命科学各专业及部分基础医学的读者，可供广大生物信息学入门及提高的读者参考使用。

<<生物信息学应用技术>>

书籍目录

- 第1章 信息学与生物信息学技术 1.1 信号、信息、密码与生物信息学技术 1.2 生物信息学技术特点 1.2.1 生物信息的储存与传递 1.2.2 生物信息传递的密码子 1.2.3 信息和密码的层次性 1.2.4 信息传递中的“非等价”与多义表达 1.2.5 内含子、重复序列与DNA多态性 1.2.6 基因突变和中性突变理论 1.3 生物系统的复杂性和生物信息学技术研究的局限性第2章 生物信息数据 2.1 核酸的序列与表示方式 2.2 蛋白质的序列与表示方式 2.3 生物信息数据的存储格式 2.3.1 序列最简单注释的FASTA格式 2.3.2 序列详细注释的GenBank格式 2.3.3 序列详细注释的EMBL格式 2.4 生物大分子结构数据的存储格式第3章 生物信息数据库 3.1 生物信息数据库概述 3.1.1 数据库 3.1.2 生物信息数据库 3.1.3 生物信息数据库分类及发展方向 3.2 核酸序列数据库 3.2.1 核酸序列基本数据库 3.2.2 核酸序列二级数据库 3.3 蛋白质序列数据库 3.3.1 蛋白质序列基本数据库 3.3.2 蛋白质序列二级数据库 3.4 生物大分子结构数据库 3.4.1 生物大分子结构基本数据库 3.4.2 蛋白质结构二级数据库第4章 生物信息的检索及策略 4.1 生物信息检索及概述 4.1.1 信息检索概念 4.1.2 检索系统的类型 4.1.3 生物检索系统 4.1.4 信息检索策略 4.2 NCBI数据库检索系统Enterz 4.2.1 美国国家生物技术信息中心NCBI 4.2.2 NCBI数据库 4.2.3 Enterz简介 4.2.4 Enterz系统检索规则与策略 4.2.5 Enterz检索策略的定制 4.3 EBI的数据库检索策略系统SRS第5章 序列的分析与相似性搜索 5.1 序列分析与相似性搜索概述 5.2 序列比对 5.2.1 序列比对的原理 5.2.2 记分规则 5.2.3 序列比对算法 5.2.4 多序列比对算法 5.3 基于相似性分析的数据库搜索 5.3.1 局域比对搜索工具BLAST 5.3.2 BLAST的检索程序与功能 5.4 序列分析软件 5.4.1 本地机上进行序列的简单分析 5.4.2 利用序列相似性搜索对蛋白质序列的功能注释与分析第6章 系统发育分析与分子进化 6.1 生物分类与系统分析概述 6.1.1 生物分类系统 6.1.2 系统发育分类学 6.1.3 生物进行过程 6.1.4 系统发育进行树：进行关系的表示方法 6.1.5 系统进化的分析方法 6.1.6 分子进化与中性学说 6.1.7 分子进化研究的重要意义第7章 生物大分子三维结构的可视化分析第8章 同源模建及分子动力学模拟分析第9章 Origin数据分析与图表绘制软件第10章 Reference Manager参考文献管理软件参考文献

<<生物信息学应用技术>>

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>