

图书基本信息

书名：<<基于WWW的生物信息学应用指南>>

13位ISBN编号：9787810618434

10位ISBN编号：7810618431

出版时间：2004-4

出版时间：中南大学出版社

作者：李桂源，钱骏 编

页数：325

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>

## 内容概要

在当今的信息时代，失去信息的利用，等于失去许多重要的一切。

《基于WWW的生物信息学应用指南》则是教会从事生物、医学等生命科学的人们如何利用国际互联网掌握更多、更前卫的生物信息。

环球网（WWW）是当前国际互联网中重要的信息网，它涵盖核苷酸和蛋白质序列查询、递交、基因的计算机克隆、序列相似性搜索，蛋白质基序和结构域识别、进化树构建、蛋白三维同源模型构建以及基因数字化差异表达分析等主流生物信息学的应用，以上内容在本书中均作了详细阐述。

同时，《基于WWW的生物信息学应用指南》最大的特色是结合了中南大学肿瘤研所以及肿瘤基因组研究中心精心设计了多达43个具体生物信息学应用练习题，并按实例进行深入浅出的表达，讲解清晰，使读者能够直接参考这些练习来解决科研中的实际问题，避免不必要的重复研究，少走弯路，有助于提高我国生物科学研究水平。

本书很适合从事生物学、医学、分子生物学、肿瘤学、病理生理学等专业的科研人员及工作者阅读参考，也可作为本科、研究生教育教材使用。

书籍目录

第1章 引论1.1 基因组 / 蛋白质组信息学1.1.1 基因组信息学1.1.2 蛋白质组信息学1.2 互联网与生物信息学1.2.1 互联网基础1.2.2 生物信息学数据库1.2.3 生物信息学软件1.3 生物信息学门户网站1.3.1 美国国立生物技术信息中心1.3.2 欧洲生物信息研究所1.3.3 瑞士蛋白质分析专家系统1.3.4 北京大学生物信息中心

第2章 序列查询和递交2.1 Entrez查询系统2.1.1 简介2.1.2 Entrez系统的基本查询功能2.1.3 查询策略2.2 LocusLink查询系统2.3 SRS查询系统2.4 序列信息递交第3章 序列相似性搜索3.1 概述3.1.1 序列相似性与同源性3.1.2 全局和局部序列比对3.1.3 比对分数矩阵和空位罚分3.1.4 比对算法3.1.5 比对分数的统计学评价3.2 序列相似性搜索3.2.1 BLAST3.2.2 Fasta第4章 基因识别4.1 基因组外显子预测4.1.1 从头预测4.1.2 相似性比较预测4.2 基于EST的基因鉴定第5章 多序列比对5.1 ClustalW5.2 BOXSHADE第6章 蛋白质基序和结构域识别6.1 PROSITE patterns和PROSITE profile6.2 Pfam和Prodom6.3 SMART6.4 Blocks和PRINTS6.5 InterPro第7章 进化树构建7.1 PHYLIP软件包7.2 ClustalW程序第8章 蛋白三维同源模型构建第9章 基因数字化差异表达分析第10章 核苷酸序列的一般分析10.1 序列格式转换10.2 互补和反向序列的转换10.3 核苷酸序列统计10.4 序列注释10.5 序列翻译与ORF预测10.5.1 EBI的Transeq10.5.2 ExPASy的Translatetool10.5.3 ORF识别10.6 限制性酶切分析10.7 质粒作图10.8 引物设计10.8.1 通用引物在线设计程序Primer310.8.2 简并引物在线设计程序GeneFisher第11章 蛋白序列的其他特征分析11.1 氨基酸基本理化特性分析11.2 蛋白的亚细胞定位11.3 膜蛋白跨膜区预测11.4 蛋白序列二级结构预测11.4.1 JPred预测服务器11.4.2 PredictProtein预测服务器第12章 整合的序列分析第13章 蛋白质组信息学

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>