

<<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>

## <<常用生物数据分析软件>>

### 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-Coding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 华图转化 (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

## <<常用生物数据分析软件>>

### 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。

<<常用生物数据分析软件>>

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>