

<<生物软件选择与使用指南>>

图书基本信息

书名：<<生物软件选择与使用指南>>

13位ISBN编号：9787122023179

10位ISBN编号：7122023176

出版时间：2008-4

出版时间：化学工业出版社

作者：李军

页数：249

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>

<<生物软件选择与使用指南>>

内容概要

本书提供了生物软件的选择、获取和使用建议，旨在为生命科学工作者更好地开展自己的研究工作打开方便之门。

作者在撰写过程中，体现了下列特色：所涉及的软件以免费软件资源为主，包括本地软件和在线软件，亦包括部分使用广泛的商业软件。

所涉及的软件范围较宽，如核酸序列分析、蛋白质序列分析、蛋白质结构分析和新药设计等。

所有类型的软件均提供了典型实例，且这些实例均在计算机上实际运行通过。

本书可以作为生物类专业的本科教材，也可供生命科学、医学基础和药学等领域的高校及科研院所研究人员参考。

<<生物软件选择与使用指南>>

书籍目录

第1章 生物软件选择指南 1.1 生物科学工作者常用软件 1.1.1 实验准备阶段 1.1.2 实验实施阶段 1.1.3 实验结果输出阶段 1.2 因特网上的生物软件资源 1.2.1 通过搜索引擎进行搜索 1.2.2 通过生物信息学数据库进行查找 1.2.3 通过生物资源主题网站进行查找 1.2.4 软件的索取、安装及使用第2章 综合序列分析 2.1 综合序列分析软件Lasergene 2.1.1 引言 2.1.2 用GeneQuest发现新基因 2.1.3 用Protean进行蛋白质结构分析 2.1.4 用MegAlign进行序列比对和构建进化树 2.1.5 序列组装、引物设计、限制图谱和序列编辑 2.2 综合序列分析软件BioEdit 2.2.1 引言 2.2.2 File：文件菜单 2.2.3 Edit：编辑菜单 2.2.4 Sequence：序列菜单 2.2.5 Alignment：排列菜单 2.2.6 View：视图菜单 2.2.7 Accessory Application：应用程序菜单 2.2.8 RNA：RNA序列分析菜单 2.2.9 World Wide Web：网络菜单 2.2.10 Options：选项菜单 2.2.11 Window：窗口菜单 2.2.12 Help：帮助菜单 2.3 综合序列分析在线程序 2.3.1 EMBOSS 2.3.2 SeWeR 参考文献第3章 用BLAST进行序列相似性搜索 3.1 引言 3.2 局部比对搜索基本工具BLAST 3.2.1 BLAST简介 3.2.2 BLAST检索的基本知识 3.2.3 BLAST检索工具的分类 3.2.4 BLAST检索中采用的数据库 3.2.5 BLAST检索的步骤 3.2.6 通过BLAST搜索发现序列的生物学意义 3.2.7 用BLAST发现新基因 参考文献第4章 用Clustal(X / W)进行多序列比对 4.1 引言 4.2 Clustal X 4.2.1 Clustal X功能详解 4.2.2 用Clustal X进行蛋白质多序列比对 4.3 Clustal W第5章 进化树构建 5.1 引言 5.1.1 进化树构建的基本程序 5.1.2 进化树构建的方法选择 5.1.3 进化树构建的软件选择 5.1.4 数据分析及结果推断 5.1.5 总结 5.2 PHYLIP——免费的集成的系统分析软件包 5.2.1 概述 5.2.2 实例：用PHYLIP软件包构建GPD蛋白家族的系统进化树 5.3 MEGA4——免费的本地建树工具 第6章 序列格式转换 6.1 常见的分子序列格式 6.2 序列格式转换软件 6.2.1 SeqVerter 1.3 6.2.2 ForCon 1.0 6.2.3 序列格式转换在线程序READSEQ第7章 序列信息递交 7.1 引言 7.2 用BankIt递交新基因序列 7.3 用Sequin递交新基因序列第8章 引物设计 8.1 引言 8.2 通用引物设计软件Primer Premier 5.00 8.2.1 Primer Premier 5.00的序列编辑窗口 8.2.2 Primer Premier 5.00的引物设计窗口 8.2.3 Primer Premier 5.00的引物检索结果输出窗口 8.2.4 Primer Premier 5.00的引物编辑窗口 8.2.5 用Primer Premier 5.00进行巢式PCR引物设计 8.2.6 用Primer Premier 5.00进行简并引物设计 8.2.7 Primer Premier 5.00的其他功能 8.2.8 Primer Premier 5.00程序存在的不足 8.3 通用引物在线设计程序Primer 3 8.3.1 Primer 3概述 8.3.2 实例：应用Primer3设计针对p53基因mRNA编码区的特异引物 8.4 简并引物在线设计程序GeneFisher 8.4.1 简并引物设计过程及原则 8.4.2 简并引物设计程序GeneFisher第9章 质粒绘图 9.1 质粒绘图软件WinPlas 9.1.1 WinPlas的操作界面 9.1.2 WinPlas的操作方法 9.1.3 WinPlas的操作实例 9.2 质粒作图在线程序PlasMapper 2.0 9.2.1 PlasMapper 2.0的基本功能与操作方法 9.2.2 PlasMapper 2.0程序运行实例 参考文献第10章 用ANTHEPROT进行蛋白质序列分析 10.1 引言 10.2 工具栏与基本功能 10.2.1 工具栏 10.2.2 基本功能 10.3 蛋白质序列编辑功能 10.4 蛋白质基本分析功能 参考文献第11章 用同源建模服务器SWISS-MODEL进行蛋白质三维结构预测 11.1 SWISS-MODEL 11.2 运行实例：用SWISS—MODEL服务器进行蛋白三维模型构建工作 11.2.1 实例之一：用首选模式进行牛血清白蛋白的同源建模与结构解析 11.2.2 实例之二：利用项目模式进行蛋白的同源建模 11.2.3 实例之三：利用比对模式进行蛋白的同源建模 11.2.4 实例之四：寡聚蛋白的同源建模 11.3 蛋白质分子结构预测方法 11.3.1 同源建模 11.3.2 反相折叠 11.3.3 从头预测 参考文献第12章 蛋白质结构比对 12.1 蛋白质结构分类 12.1.1 按结构域分类 12.1.2 系统性分类 12.2 蛋白质结构比对工具 12.2.1 VAST——矢量比对工具 12.2.2 DALI距离矩阵(distance matrix alignment) 12.2.3 Structure 12.2.4 SSAP第13章 用RasMol / PyMOL / Swiss-PdbViewer进行生物分子三维结构显示和分析 13.1 引言 13.1.1 分子坐标表示方法 13.1.2 分子表面 13.1.3 分子图形显示模型 13.1.4 蛋白质结构测定方法 13.2 RasMol 13.2.1 RasMol的操作窗口 13.2.2 RasMol的命令行窗口 13.2.3 RasMol应用实例 13.3 RasTop简介 13.4 Swiss-PdbViewer 13.4.1 Swiss-PdbViewer简介 13.4.2 Swiss-PdbViewer运行实例 13.5 PyMOL 13.5.1 PyMOL简介 13.5.2 PyMOL应用实例第14章 计算机辅助基因识别 14.1 引言 14.2 GENSCAN——基因预测的首选工具 14.2.1 影响GENSCAN预测准确度的因素 14.2.2 GENSCAN的操作流程 14.3 WebGene——基因结构分析和预测工具集 14.4 GeneBuilder——基因结构预测系统 14.5 ORF Finder——NCBI的开放阅读框(ORF)识别工具 14.6 CpGPlot / CpGReport / Isochore——EMBL的CpG岛计算工

<<生物软件选择与使用指南>>

具 14.7 tRNAscan-SE——tRNA基因识别工具第15章 计算机辅助疫苗设计 15.1 引言 15.1.1 计算机辅助疫苗设计技术诞生的时代背景 15.1.2计算机辅助疫苗设计技术的原理与方法 15.1.3计算机辅助疫苗设计的产业前景 15.2 IMGT工具包 15.3 蛋白酶体酶切位点的预测 15.3.1 NetChop 3.0服务器 15.3.2 ProPrac 15.4 MHC结合区域的预测 15.5 T细胞表位的预测 15.6 免疫学数据库 参考文献

<<生物软件选择与使用指南>>

章节摘录

第3章 用BLAST进行序列相似性搜索 3.1 引言 如今随着互联网及各种数据库的发展，对一个序列的相似性搜索可以在任何一台接入互联网的计算机上进行，并可通过E-mail、Html超文本或专门下载的格式文本来获得最后的搜索结果。

在这个意义上，基本上再没有比做两两序列的比对更容易的事情了。

你所要做的只不过是准备好你的查询序列，然后点击搜索按钮即可。

然而，在实际应用中，人们仍然需要做好更充分的准备以获得最大可能的信息量。

问题：究竟是该用BLAST还是FASTA？ 一般评估数据库搜寻程序是从灵敏度(sensitivity)、选择性(selectivity)与速度(speed)三方面来讨论。

灵敏度不够，就会误将有亲缘关系的序列判断为噪声；而选择性太低则会误将不相干的特性，例如序列组成上的相似性或疏水性等特性判断为有亲缘关系。

在目前序列信息不断膨胀的情形下，不管BLAST程序还是FASTA程序都是在准确性(包含了灵敏度与选择性)与速度间求取一个最佳的平衡点。

并且这两套程序都用各自的计算方法来判断最后程序所采用的真伪。

一般而言，初学者没有必要学习所有的方法，而应集中力量搞清楚其中一个程序所采用的计算原理和结果分析，一旦彻底弄懂了原理，以后再学不同的方法就容易多了。

总而言之，对于BLAST和FASTA程序的选择，更多是基于个人的习惯和偏好。

<<生物软件选择与使用指南>>

编辑推荐

《生物软件选择与使用指南》读者应具备基本的数据库查询与使用的技能，如需要了解这方面的知识可参阅有关书籍。

核酸和蛋白质的序列分析已经成为生命科学工作者必须具备的基本技能。

研究者必须能够熟练地使用相关生物软件并结合数据库进行工作。

自20世纪90年代中期以来，国内陆续引进并翻译了一些国外的生物信息学著作，国内学者也创作出版了一些生物信息学专著与教材，这些书对相关数据库均作了较为详细的介绍，而对所涉及的软件工具则介绍得甚为简略，对广大读者难以起到实际的指导作用。

鉴于这种情况，笔者搜集整理了大量的免费软件资源及少数应用广泛的商业软件，分门别类，列举典型实例进行详细讲解，便于读者快速掌握并熟练使用这些软件。

<<生物软件选择与使用指南>>

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>