

图书基本信息

书名：<<E-mail访问网络生物医学资源实用指南>>

13位ISBN编号：9787532365357

10位ISBN编号：7532365352

出版时间：2002-9

出版时间：上海科学技术出版社

作者：吕军 主编

页数：237

字数：169000

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

本书是一本介绍如何通过E-mail获取Internet上医学和生物学信息资源的基本原理和方法的工具书。包括的内容有：检索Medline--蛋白质、核酸与三维结构数据库；检索分析与人类基因组研究相关的一些重要的网络数据库，如序列的同源性、开放阅读框架(ORF)预测、蛋白质二级结构分析、RNA二级结构预测、分子模建等，这些都是生命科学最前沿的研究热点。

现代科学研究的一个显著特点就是综合性大研究，学科之间交叉、联系日益紧密。

本书介绍了如何通过Internet上邮件列表和新闻组这两种形式在世界范围内与同行或非同行交流、联系、协作、探讨；如何访问WWW上的医学生物学资源和WWW的各类检索引擎；如何访问FTP资源，寻找和下载有用的一些生物学档案资料；附录介绍一些使用E-mail技巧，使各章介绍的方法事半功倍。

本书的主要读者对象为医学、药学和生命科学等领域的大学生、研究生、医务工作者、教师和研究人員。

书籍目录

绪论第一章 Medline——蛋白质、核酸与三维结构数据库检索 第一节 简介 第二节 Entrez可检索的数据库 第三节 词条检索 一 字段说明符 二 字段解释 三 布尔检索 四 截词检索 五 范围检索 第四节 搜索参数选项 一 显示方式选项 二 其他选项 第五节 替代符号 第六节 流水号检索 一 GenBank登录号与序列标识符 二 用于UID中的Fasta格式第二章 基因和基因组序列分析 第一节 NCBI BLAST电子邮件服务器的介绍 一 访问NCBI BLAST电子邮件服务器 二 BLAST电子邮件检索请求示例 三 NCBI BLAST电子邮件服务器检索的可选程序 四 NCBI BLAST电子邮件服务器可用数据库 五 NCBI BLAST电子邮件服务器指令表 六 利用NCBI BLAST电子邮件服务器检索的序列格式 七 序列标识符 八 检索请求的呈递与等候 九 向GenBank呈递新的数据或更新修订 第二节 BLAST程序使用详解 一 BLAST程序算法 二 BLAST序列对比分值方案 三 邻域 四 HSP分值阈 五 Karlin-Altschul统计学 六 SUM统计学和Poisson统计学 七 P值、比对分值及信息 八 匹配报告中的选择度 九 搜索敏感度 十 遗传代码 十一 设置参数 十二 控制输出 十三 环境变量 十四 支持功能 十五 输出示例与详解 十六 原因不明的故障 第三节 BLAST常见问题解答 一 最常见的问题 二 BLAST程序 三 查询格式第三章 访问医学与生物学邮件列表第四章 访问医学与生物学新闻组第五章 访问医学与生物学WWW资源第六章 通过E-mail访问WWW的各类检索引擎第七章 访问医学与生物学FTP资源附录 一些实用的E-mail技巧

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>