

·技术与方法·

MATLAB 7.X 生物信息工具箱的应用 -- 专用分析工具 (六)*

刘新星 谢 成 李红燕 杨英杰[△]

(中南大学生物冶金教育部重点实验室 湖南 长沙 410083)

摘要 :序列分析可以获取蕴藏在简单序列中的生物信息,是生物信息分析的基础。通过生物大分子序列差异分析构建的系统树则可为我们提供可视化的物种间的进化关系。MATLAB7.X 生物信息工具箱包含了几个图形用户界面设计的专用分析工具,这些专用分析工具交互性好,易于使用。借助于这些分析工具,用户不仅可以对基因序列进行分析查看并能进行相对应的氨基酸序列分析,还可以方便快捷地构建系统发育树。即使用户不会编程也可以进行序列分析和系统发育分析的研究,大大地提高了分析的效率。本文详细介绍了序列分析工具 Seqtool 和系统发育分析工具 Phytreetool 在序列分析及系统发育树构建方面的应用,所有操作方便快捷,分析结果可视化程度高。

关键词 生物信息工具箱;序列分析工具;系统发育分析工具

中图分类号 :TP391 **文献标识码** :B **文章编号** :1673-6273(2012)15-2962-06

The Application of MATLAB Bioinformatics Toolbox --Special Analysis Tools (6)*

LIU Xin-xing, XIE Cheng, LI Hong-yan, YANG Ying-jie[△]

(Key Laboratory of Biomaterials of Ministry of Education, Central South University, Changsha, 410083, China)

ABSTRACT: Sequence analysis is the basis of Bioinformatics analysis, which can obtain the information embedded in the simple sequence. The phylogenetic tree, constructed by sequence analysis of biological macromolecules, can provide us with visible evolutionary relationship among species. The MATLAB7.X bioinformatics toolbox contains several special analysis tools designed by graphic user interface (GUI), which have the advantages of good interactivity and convenience to use. With these tools, you can achieve all analytic functions without the commands, improving analytic efficiency greatly. This paper introduces sequence tool-Seqtool and phylogenetic tree tool-Phytreetool in the field of sequence analysis and the construction of phylogenetic tree. All the operations are sample and efficient, with high degree visualization.

Key words: Bioinformatics toolbox; Sequence analysis tool; Phylogenetic analysis tool

Chinese Library Classification(CLC): TP391 **Document code**: B

Article ID: 1673-6273(2012)15-2962-06

前言

生物信息学发展至今,工作的重点已经从原来的信息的积累发展到现在的数据分析^[1-5]。近年来,随着计算机技术的应用及推广,应用于序列分析等生物信息学方面的软件开发成为当前生物学研究的一大热点^[6-12]。MATLAB 生物信息工具箱的所有功能都能通过相应的命令实现,对于不熟悉命令的使用者有一定困难。为此, MATLAB 生物信息工具箱提供了若干图形用户界面(GUI)的专用分析工具^[13,14]。本文介绍序列分析工具 Seqtool 和系统发育分析工具 phytreetool。借助于这些分析工具,用户不会编程也可以进行序列分析和系统发育分析的研究,大大地提高了分析的效率。专用分析工具采用图形用户界面(GUI)设计,各功能选项对应着 MATLAB 的各个相关命令,具有交互性好、操作方便且易于使用的特点^[15]。

1 序列分析工具

序列分析工具 Seqtool 是图形用户界面的专用分析工具,它综合了生物信息工具箱中的多种序列分析功能,通过选择就可以实现其某种功能,而不必在 MATLAB 命令窗口中逐条输入那些难记的命令^[16,17]。

1.1 导入序列

分析蛋白质或氨基酸序列的第一步是把序列信息读入 MATLAB。Seqtool 使用生物信息工具箱中的函数连接到网络数据库并读取信息到 MATLAB。

(1) 打开序列分析界面:在命令窗口执行 seqtool 命令,序列分析工具窗口即被打开(图 1),其右边和底部的均为空白。

(2) 从 NCBI 下载序列:在 File 菜单下,点击 "Download Sequence from NCBI",出现一个对话框。输入人类基因 HEXA 登录号 NM_000520,并选择核苷酸数据库入口[Nucleotide]。确认后, MATLAB 连接到网络,下载人类 HEXA 的序列信息,并计算出一些基本统计量(图 1)。

* 基金资助:国家自然科学基金(50774102)

作者简介:刘新星(1955-),女,教授,主要研究方向:生物信息学, E-mail: xinxingliu@hotmail.com

[△]通讯作者:杨英杰, E-mail: yjyangcsu@126.com

(收稿日期:2012-01-10 接受日期:2012-02-05)

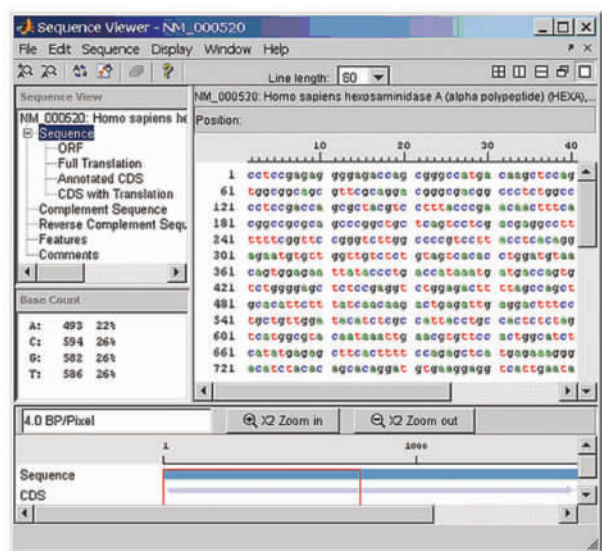


图1 人类 HEXA 的序列信息

Fig.1 The information of the human hexa

1.2 查看蛋白质序列信息

将序列导入序列分析工具后,就可以查看储存的信息,比如查看 ORF 和 CDS。



(a)ORF



(b)CDS

图2 查看 ORF 和 CDS

Fig.2 Search the ORF and CDS

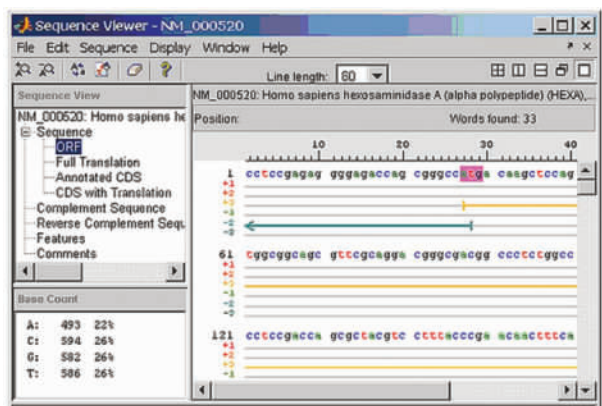


图3 定位查找对象

Fig.3 Locate the searching object

(2) 保存 ORF 文件: 点击阅读框 3 中最长的 ORF, 这个 ORF 即高亮度突出显示所选择的序列部分, 右击 ORF, 并选择

(1) 显示序列的一般信息: 点击左边树上的 Comments, 右边框即显示此序列的一般信息;

(2) 显示序列的特征信息: 点击 Features, 右边框即显示 NCBI 特征信息;

(3) 查看 ORF: 点击 ORF 即显示六个阅读框中的查找结果, 如图 2(a);

(4) 查看 CDS: 点击 Annotated CDS 即显示核苷酸序列的蛋白质编码部分, 如图 2(b)。

1.3 查找关键字

从 Swquence 菜单, 点击 Find Word, 弹出 Enter a Word 对话框。在对话框键入一个序列字符或典型序列, 比如键入 atg, Seqtool 立即查找并定位到查找的对象(图 3), 点击工具条按钮可清除显示。

1.4 研究开放阅读框

确定序列的编码部分后, 将它复制到新的观察窗口并转换为氨基酸序列, 以继续进一步的分析。

(1) 显示 ORF: 在左边框点击 ORF, Seqtool 即在右边和底部窗口显示六个阅读框的 ORF(图 4)。

输出到工作区间(Export to Workspace), 在出现的对话框键入一个名称, 比如 NM_000520_ORF, 点击 Export 按钮后, 阅读框 3 中最长的 ORF 即被保存到文件 NM_000520_ORF 中。

(3) 打开 ORF 文件: 在 File 菜单, 点击 Import from Workspace, 键入要导入 ORF 的名称, 比如 NM_000520_ORF, Seqtool 即在底部为新的序列添加一个标签并打开此序列(图 5)。



图4 六个阅读框的 ORF

Fig.4 ORFs of six read frames

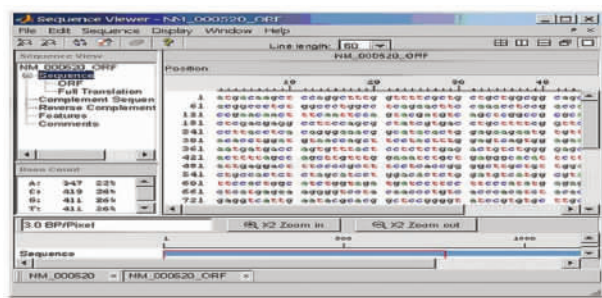


图 5 NM_000520_ORF 序列

Fig.5 Sequence of NM_000520_ORF

(4) 转换成氨基酸序列 : 在左边框, 点击 Full Translation , 从 Display 菜单 , 指向 Amino Acid Residue Display 并点击 One Letter Code , Seqtool 在蛋白质序列下显示相应的氨基酸序列 (图 6)。

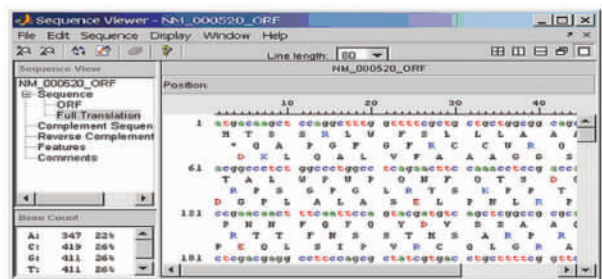


图 6 相应的氨基酸序列

Fig.6 Homologous amino acid sequence

1.5 查看氨基酸序列统计量

可以导入目的氨基酸序列或从 Genbank 数据库获取一个蛋白质序列。比如 , Genbank 登陆号码为 NP_000511.1 是与 Tay-Sachs 疾病有关的人类酶的 α 亚基。

(1) 从 NCBI 下载序列 : 在 File 菜单 , 点击 Download Sequence from NCBI , 这时打开一个对话框。

(2) 载入氨基酸序列 : 在对话框中键入 NP_000511.1 并选择 Protein 选项 , 确认后氨基酸序列即被载入 (图 7)。

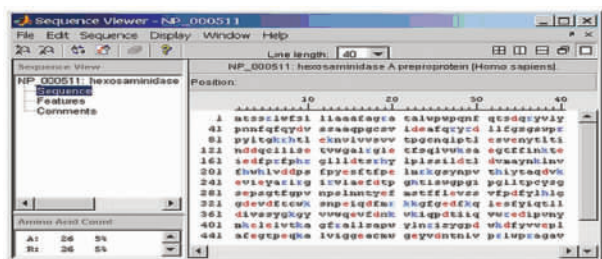


图 7 从 NCBI 获取氨基酸序列

Fig.7 Download Amino Acid Sequence Information from NCBI

(3) 查看氨基酸残基 : 从 Display 菜单 , 指向 Amino Acid Color Scheme , 然后选择 Charge Function , Hydrophobicity , Structure 或 Taylor 中的任意一个 , 比如 , 选择 Charge , 显示颜色变成高亮度以突出该氨基酸残基 (图 8)。

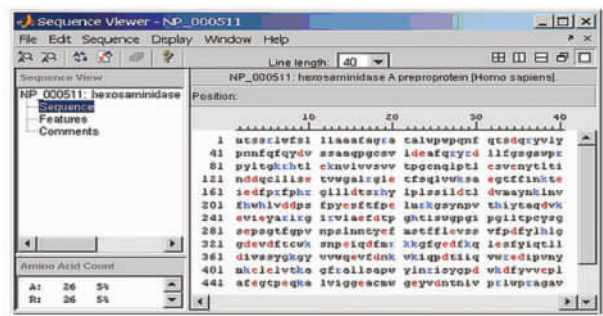


图 8 α 亚基的氨基酸残基

Fig.8 The amino acid residue of the α - subunit

2 系统发育分析工具

系统发育分析工具 phytreetool 也是一个图形用户界面的专用分析工具 , 可以利用它查看、编辑和格式化系统发育树数据 , 包括修剪、重排和重命名系统发育树的分枝 , 测量分枝间的距离 , 还可以打开或保存 Newick 格式和 ClustalW 格式的文件^[10]。下面以生物信息工具箱中的系统发育树文件 pf00002.tree 为例 , 介绍系统发育分析工具的使用 , 所用的数据也可以从蛋白质家族(PFAM)网络数据库^[19-21]获得。

2.1 打开系统发育分析工具

(1) 创建系统发育树对象 : 可用 phytreeread 函数读取 pf00002.tree 文件并创建系统发育树对象。

tr = phytreeread('pf00002.tree')

Phylogenetic tree object with 37 leaves (36 branches)

(2) 绘制系统发育树 : 可用 phytreetool 函数绘制系统发育树。若没有给 phytreetool 函数一个输入变量 , 系统将打开选择系统发育树对话框 , 以供选择工作空间的变量或选择要打开的 Newick 格式的文件 (图 9)。

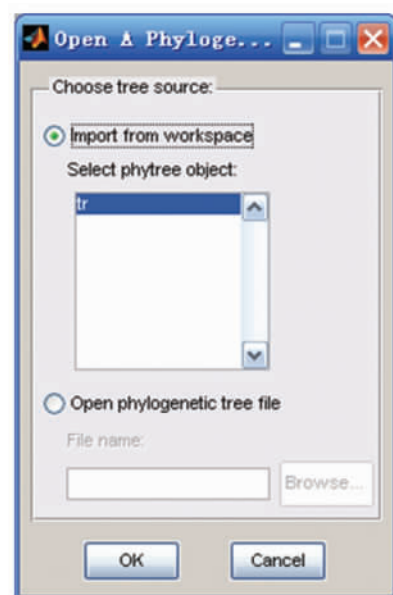


图 9 选择系统发育树

Fig.9 Select Phylogenetic Tree

如果给 phytreetool 函数提供了输入变量 则不出现选择窗口,直接绘制系统发育树(图 10)。
phytreetool(tr)

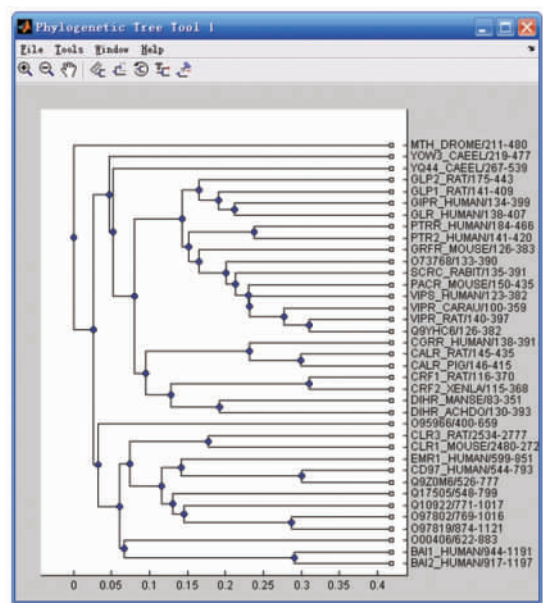


图 10 绘制系统发育树

Fig.10 Plot phylogenetic tree

2.2 File 菜单

File 菜单包括打开和关闭文件的标准命令,也包括系统发育树功能菜单选项,本文有选择地介绍部分菜单选项。

(1) New Tool: 从 File 菜单选择 New Tool, 打开 Open A Phylogenetic Tree 对话框(图 9), 导入数据后会打开系统发育树工具窗口, 内有所选数据形成的系统发育树。对话框提供了两种导入数据的方式:

- 1) 从 MATLAB 工作区导入 -- 选择 Import from workspace 选项, 然后从列表选择一个系统发育树对象。
- 2) 从文件导入 -- 选择 Open phylogenetic tree file 选项, 点击 Browse 按钮, 从 Newick 格式的文件中选择一个扩展名为 .

tree 的文件。

(2) Import from Workspace: 从一个系统发育树读取数据到工作区并显示在系统发育树工具中。点击 Import from Workspace, 打开 Get Phytree Object 对话框, 从列表选择一个系统发育树对象, 点击 Import 按钮, 将在系统发育工具中打开选择的系统发育树对象。

(3) Open Original in New Tool: Phytreetool 没有撤销命令, 如果要撤销一些修改, 可以利用 Open Original in New Tool 返回到开始查看时的原始树。

(4) Export to New Tool: 由于系统发育树工具的一些命令不能被撤销(比如, Prune 命令), 在改变系统发育树时, 可用该命令复制当前的系统发育树到一个新的窗口作为备份或供修改前后的对比, 这时两个窗口中的系统发育树可独立地进行修改。选择 Export to New Tool 子菜单中的 With Hidden Nodes 或 Only Displayed 选项, 在一个新的窗口中将打开当前系统发育树的备份。

(5) Export to Workspace: 选择 Export to Workspace 子菜单中的 With Hidden Nodes 或 Only Displayed 选项, 在打开的对话框中输入变量名, 确认后, 可将编辑修改后的系统发育树输出到 MATLAB 工作区变量中。

(6) Print to Figure: 该选项可将系统发育树复制到 MATLAB 图形窗口, 利用该图形窗口可以使用所有的 MATLAB 图形窗口的编辑功能, 如添加注解、改变字体和编辑图形等。选择 Print to Figure 子菜单中的 With Hidden Nodes 或 Only Displayed 选项, 将打开 Publish Phylogenetic Tree to Figure 对话框, 如图 11。



图 11 在绘图窗口绘制树

Fig.11 Publish phylogenetic tree to figure

从窗口中选择三种描绘方式(图 12)之一:

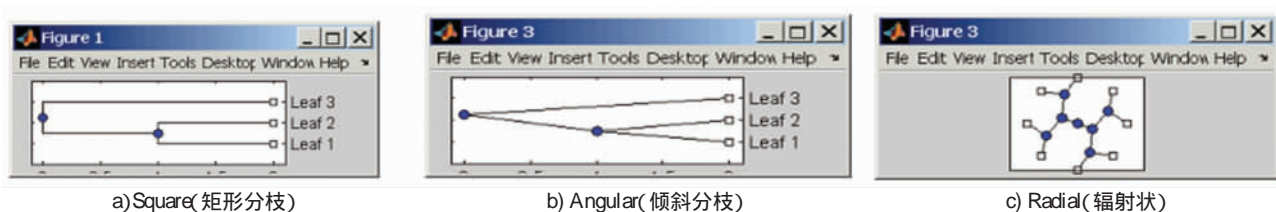


图 12 三种描绘方式

Fig.12 Three display labels


用户可选择在数字上添加的三种显示标签组合:

- 1) Branch Nodes: 在图形上显示分枝节点名称;
- 2) Leaf Nodes: 在图形上显示叶节点名称;
- 3) Terminal Nodes: 在右边界显示终端节点。

选好后点击 Print 按钮, 可打开一个新的 MATLAB 图形窗口, 里面的图像具有了用户所选择的特征。

2.3 Tools 菜单

Tools 菜单和工具条里有许多专用于分析系统发育树的命令, 可以交互地使用各种方法来处理和分析系统发育树。

(1) Inspect: 使用检查模式比较系列间的径距离并查找序列。选择 Inspect 或从工具条点击 , 系统发育分析窗口即被设置成检查模式。在选择枝叶节点后, 弹出的窗口显示到父节

点和根节点遗传的距离等相关信息(图 13a)。选择一个枝叶节点后拖动鼠标到另一个节点,红色突出显示节点间的路径,并

在弹出窗口显示路径长度(图 13b),路径长度就是由 seqlinkage 函数计算出来的遗传距离。

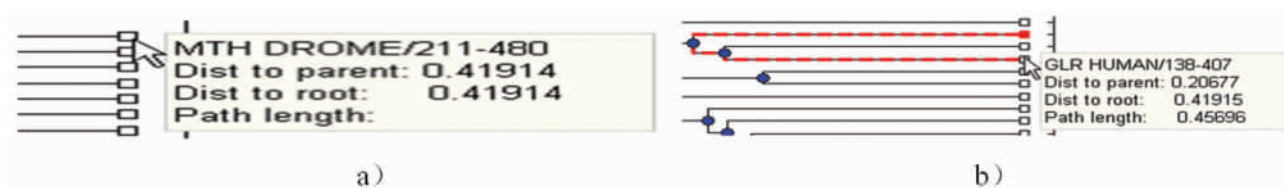



图 13 检查模式

Fig.13 Inspecting mode

(2) Collapse/Expand Branch: 有的树有成千上万的枝叶节点,显示所有的节点会使得树状图无法阅读,通过收缩一些分枝,可以更好地查看剩余节点间的关系。选择 Collapse/Expand 或从工具条点击 ,系统发育分析窗口即被设置成为收缩/展

开模式。光标指向选择的节点,属于该节点的路径被用灰色显示(图 14a),点击该节点,即移除灰色显示路径的枝叶(图 14b)。点击收缩的分枝节点可重新展开一个收缩的分枝。

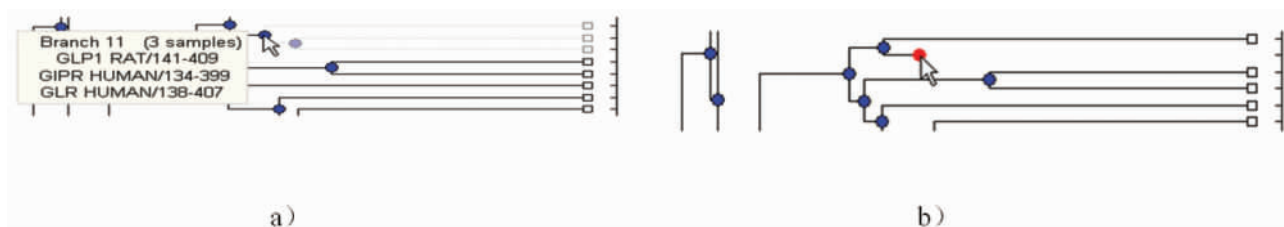



图 14 收缩伸展模式

Fig.14 Collapse and expand branch mod


(3) Rotate Branch: 系统发育树最初是通过配对两个最类似的序列而创建的,然后将剩余的序列按照相似性递减的次序添加上去。如果想要旋转分枝以强调进化的方向,就可以用 Rotate Branch 模式。选择 Rotate Branch 或从工具条点击 ,系统

发育分析窗口即被设置为旋转模式。光标指向分支节点,该节点下面的支链变成灰色(图 15a),点击该节点可使已选择的分支绕节点旋转 180 度(图 15b)。



图 15 旋转模式

Fig.15 Rotate branch mode

(4) Rename Leaf/Branch: 该功能以系统发育树为对象获取其上的节点名称,并从分枝 1 开始创建编码的分枝名称,可以编辑、更改或替换任何枝或叶的名称。点击 Rename 或从工具条点击 ,系统发育分析窗口即被设置为重命名模式。点击一

个枝叶节点将打开一个文本框,内有节点的当前名称(图 16a);可在文本框中输入一个新的名称(图 16b),点击文本框以外的地方即可确定更改,最后要用 save 命令保存改动。

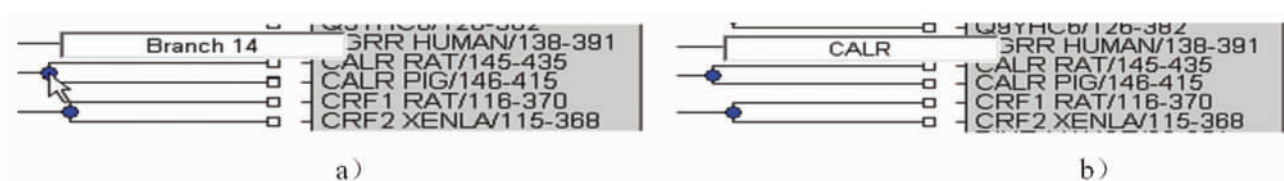



图 16 重命名模式

Fig.16 Rename leaf and branch mode

(5) Prune (delete) Leaf/Branch :该功能可删除系统发育树中一些距离很远的种系或重复的枝叶。选择 Prune 或从工具条点击，系统发育分析窗口即被设置为删除模式。光标指向一个枝叶节点，连接该节点的支链变成灰色，对于分支节点，节点下面的支链变成灰色(图 17)。点击节点可删除下面的支链，其它节点重新排列以使平衡树结构，种系发育不重新计算。删除节点要谨慎，因为系统发育分析工具没有撤销命令。

(6) Threshold Collapse :该功能可设定一个距离阈值以便收缩节点，处于图表顶部的收缩滑动条可用于调节距离阈值，低于距离阈值的分枝不予显示。Threshold Collapse 中的 Distance

to Leaves 或 Distance to Root 选项可选择设置到树叶的距离或到树根的距离(图 18a)，拖动滑动条可改变距离阈值(图 18b)，距离小于阈值的分枝以灰色显示，点击滑动条的右边的 OK 按钮，灰色显示的分枝即被隐藏(图 18c)。

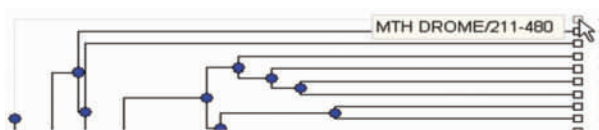


图 17 删除模式

Fig.17 Prune (delete) leaf and branch mode

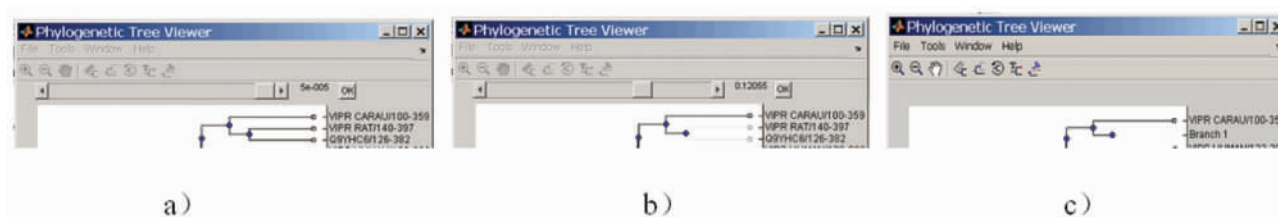


图 18 域收缩

Fig.18 Threshold collapse

(7) Expand All :用 Collapse/Expand 或 Threshold Collapse 命令可隐藏枝叶的数据，这些数据并没有从树上移除，可以用 Expand All 命令显示所有隐藏的枝叶。

(8) Find Leaf/Branch :系统发育树有成千上万的枝叶，要查找一个特定的节点是比较困难的，使用该功能可通过节点的名称或名称的一部分来查找或定位一个节点。点击 Find Leaf/Branch 将打开一个对话框，在 Regular Expression to match 框中输入一个枝叶的名称或部分名称，点击 OK 后即定位到搜索目标。

(9) Reset View :移除格式的改变，比如，旋转，收缩分枝和图形缩放等。

(10) Option : 设置图形缩放和抓图模式的行为，有如下选项：

1)Unconstrained Zoom- 允许图形同时在水平方向和垂直方向放大。

2)Horizontal Zoom- 限制水平方向的图形缩放。

3)Vertical Zoom- 仅在垂直方向进行图像缩放(默认)。

4)Unconstrained Pan- 允许图形同时在水平方向和垂直方向拖动。

5)Horizontal Pan- 限制水平方向的图形拖动。

6)Vertical Pan- 仅在垂直方向进行图像拖动(默认)。

3 小结

本文仅介绍了 MATLAB7.X 生物信息工具箱中两个重要的专用分析工具 Seqtool 和具 phytretool，它们可以完成大部分序列分析和系统发育分析工作，这对不熟悉 MATLAB 语言编程的用户是非常好的辅助分析工具。随着生物信息工具箱不断扩展，会有更多更好的辅助分析工具出现。对那些具有 MATLAB 编程能力的用户，可以利用 MATLAB 提供的强大综合技术平台，自己设计具有特定分析功能的专用分析工具，促

进生物信息工具箱的发展。

参考文献(References)

- [1] Timothy Arndt. Visual software tools for bioinformatics[J]. Journal of Visual Languages & Computing, 2008,19(2):291-301
- [2] James G Gatto.The changing face of bioinformatics[J]. Drug Discovery Today, 2003,8(9):375-376
- [3] Seth E. Mendelson, Barbara Hall Miller, Robert A. Poolman.Blurring the line between bioinformatics and patent analysis [J]. World Patent Information, 2011,33(3):257-259
- [4] Eric Jain. Current trends in bioinformatics[J]. Trends in Biotechnology, 2002,20(8):317-319
- [5] Nikola Kasabov. Global, local and personalised modeling and pattern discovery in bioinformatics:An integrated approach[J].Pattern Recognition Letters,2007,28(6):673-685
- [6] Francesco Masulli, Sushmita Mitra. Natural computing methods in bioinformatics: A survey[J].Information Fusion,2009,10(3):211-216
- [7] Roland Luethy,Christopher Hoover.Hardware and software systems for accelerating common bioinformatics sequence analysis algorithms[J]. Drug Discovery Today:BIOSILICO,2004,2(1):12-17
- [8] Susan Costantini, Giovanni Colonna, Angelo M. Faehiano. FASMA:A Service to Format and Analyze Sequences in MultiPle Alignments[J]. Genomics Proteomics& Bioinformatics,2007,5(3):253-255
- [9] Taizo Hanai, Hiroyuki Hamada, Masahiro Okamoto.Application of bioinformatics for DNA microarray data to bioscience, bioengineering and medical fields [J].Journal of Bioscience and Bioengineering, 2006,101(5):377-384
- [10] Mario Cannataro, Rodrigo Weber dos Santos, Joakim Sundnes. Biomedical and bioinformatics challenges to computer science[J]. Procedia Computer Science,2010,1(1):931-933
- [11] Perttu S. Niemelä, Sandra Castillo, Marko Sysi-Aho. Bioinformatics and computational methods for lipidomics[J]. Journal of Chromatography B,2009,877(26):2855-2862

(下转第 2997 页)

- [14] Constantino Fondevila, Amelia J. Hessheimer, Eduardo Flores, et al. Step-by-Step Guide for a Simplified Model of Porcine Orthotopic Liver Transplant[J]. Journal of Surgical Research, 2011, 167(1):39-45
- [15] Claudia Mitchell, Holger Willenbring. A reproducible and well-tolerated method for 2/3 partial hepatectomy in mice [J]. Nature Protocols, 2008, 3(7):1167-1170
- [16] Rebecca Taub. Liver regeneration: from myth to mechanism. Nature Reviews Molecular Cell Biology, 2004, 5(10):836-847
- [17] Naugler W.E. Gender disparity in liver cancer due to sex differences in MyD88-dependent IL-6 production [J]. Science, 2007, 317(5834):121-124
- [18] Iakova P, Awad S.S, Timchenko N.A, et al. Aging reduces proliferative capacities of liver by switching pathways of C/EBPalpha growth arrest[J]. Cell, 2003, 113(4):495-506
- [19] Thompson JS, Brown SA, Khurdayan V, et al. Early effects of tribromoethanol, ketamine/xylazine, pentobarbital, and isoflurane anesthesia on hepatic and lymphoid tissues in ICR mice[J]. Comp Med, 2002, 52(1):63-67
- [20] 马明, 盛哲津, 张梦杰, 等. 肝脏大部分切除实验在鼠肝再生研究中的应用[J]. 中国细胞生物学学报, 2011, 33(2):112-118
Ma Ming, Sheng Zhe-jing, Zhang Meng-jie, et al. Partial Hepatectomy in the Study of Mouse Liver Regeneration, Chinese Journal of Cell Biology, 2011, 33(2):112-118 (In Chinese)
- [21] Tufi6n MJ, Alvarez M, Culebras JM, et al. Animal models of fulminant hepatic failure [J]. Nutricion Hospitalaria, 2007, 22(2):199-209
- [22] Martins PN, Neuhaus P. Surgical anatomy of the liver, hepatic vasculature and bile ducts in the rat[J]. Liver Int, 2007, 27(3):384-392
- [23] Paulo Ney Aguiar Martins, Peter Neuhaus. Surgical anatomy of the liver, hepatic vasculature and bile ducts in the rat [J]. Liver International, 2007, 27(3):384-392
- [24] Madrahimov N, Dirsch O, Broelsch C, et al. Marginal hepatectomy in the rat: from anatomy to surgery[J]. Ann Surg, 2006, 244(1):89-98
- [25] Shinji Togo, Haochuan Chen, Takuji Takahashi, et al. Prostaglandin E1 Improves Survival Rate After 95% Hepatectomy in Rats [J]. Journal of Surgical Research, 2008, 146(1):66-72
- [26] Mangnall D, Bird D, Majeed AW, et al. The molecular physiology of liver regeneration following partial hepatectomy [J]. Liver International, 2003, 23(2):124-138
- [27] Grisham JW. A morphologic study of deoxyribonucleic acid synthesis and cell proliferation in regeneration rat liver: auto-radiography with thymidine-H3[J]. Cancer Research, 1962, 22(1):842-849
- [28] Nelson Fausto, Jean S. Campbell. The role of hepatocytes and oval cells in liver regeneration and repopulation [J]. Mechanisms of Development, 2003, 120(1):117-130
- [29] Michalopoulos GK. Liver regeneration after partial hepatectomy: critical analysis of mechanistic dilemmas [J]. Am J Pathol, 2010, 176(1):2-13
- [30] 黄新立, 王学浩. 调控因子与肝脏再生[J]. 中国普外基础与临床杂志, 2010, 17(6):633-638
Huang Xin-li, Wang Xue-hao. Liver Regeneration and Its Regulators [J]. Chinese Journal of Bases and Clinics In General Surgery, 2010, 17(6):633-638 (In Chinese)
- [31] Fujita J, Marino MW, Wada H, et al. Effect of TNF gene depletion on liver regeneration after partial hepatectomy in mice[J]. Surgery, 2001, 129(1):48-54
- [32] Arthur Zimmermann. Liver regeneration: the emergence of new pathways[J]. Med Sci Monit, 2002, 8(3):53-63
- [33] Fausto N. Live regeneration[J]. Hepatology, 2000, 32(11):19-31
- [34] Galun E, Zeira E, Pappo O, et al. Liver regeneration induced by a designer hurrfan IL-6/ sIL-6R fusion protein reverses severe hepatocellular injury[J]. Faseb, 2001, 4(13):1979-1987

(上接第 2967 页)

- [12] Marco Masseroli, Giorgio Ghisalbetti, Stefano Ceri. Bio Search Computing: Bioinformatics web service integration for data-driven answering of complex Life Science questions [J]. Procedia Computer Science, 2011, 4:1082-1091
- [13] Fotis E. Psomopoulos, Pericles A. Mitkas. Bioinformatics algorithm development for Grid environments[J]. Journal of Systems and Software, 2010, 83(7):1249-1257
- [14] 罗军辉, 冯平, 哈力旦·A, 等. MATLAB 7.0 在图像处理中的应用[M]. 北京: 机械工业出版社, 2005
Luo Jun-hui, Feng Ping, HARIDE·A, et al. Application of MATLAB 7.0 at image processing [M]. Beijing: China Machine Press, 2005
- [15] Chen Jin-ling, Zhu Dan-dan, Shen Pei. Bioinformatics analysis on ORF1 protein of Torquetenovirus (SANBAN isolate)[J]. Asian Pacific Journal of Tropical Medicine, 2011, 4(11):850-856
- [16] 郑军, 郝久玉, 翟霄翔. 嵌入式图形用户界面的研究和移植[J]. 电子测量技术, 2006, 29(2): 43-44
Zheng Gun, Hao Jiu-yu, Zhai Xiao-xiang. Investigation and transplantation of the embedded GUI[J]. Electronic Measurement Technology, 2006, 29(2): 43-44
- [17] 张升, 陶维青. 嵌入式图形用户界面 MiniGUI [J]. 仪器仪表用户, 2004, 11(6): 82-84
Zhang Sheng, Tao Wei-qing. Embedded graphical user interface MiniGUI [J]. Electronics Instrumentation Customer, 2004, 11(6): 82-84
- [18] Ashrafus, Bhuyian, N. A.. Takeda, Yoshifumi, et al. Genetic characteristics of Matlab variants of Vibrio cholerae O1 that are hybrids between classical and El Tor biotypes[J]. Journal of Medical Microbiology, 2006, 55(11):1563-1569
- [19] 李巍. 生物信息学导论[M]. 郑州: 郑州大学出版社, 2004
Li Wei. Introduction of Bioinformatics [M]. Zhengzhou: Zhengzhou University Press, 2004
- [20] Jie Liang, Hammad Naveed, David Jimenez-Morales. Computational studies of membrane proteins: Models and predictions for biological understanding [J]. Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Biomembranes, 2012, 1818(4):927-941
- [21] 刘洋, 朱乃硕. 谈系统发生树建立的分子标准 [J]. 生物信息学, 2004, 2(4): 34-36
Liu Yang, Zhu Nai-Shuo. Molecular markers in constructing phylogenetic tree[J]. Bioinformatics, 2004, 2(4): 34-36