

【作者】	王勇, 陈克平, 姚勤
【单位】	江苏大学食品与生物工程学院, 江苏镇江
【卷号】	37
【发表年份】	2009
【发表刊期】	33
【发表页码】	16665-16669
【关键字】	系统发生分析; 贝叶斯推理法; MrBayes 3.1; 使用方法
【摘要】	在介绍MrBayes 3.1程序基本特点以及Nexus文件准备的基础上, 选取普通DNA序列、普通蛋白质序列、含编码区域的DNA序列、mRNA序列以及混合型数据文件为例分别介绍了MrBayes 3.1程序的基本使用方法, 为初学者正确使用该程序提供了操作指南, 同时为深入学习与掌握该程序的特殊用途打好基础。
【附件】	 PDF下载 <input type="button" value="PDF阅读器下载"/>

关闭