第一图书网, tushu007.com

<<生物计算>>

图书基本信息

书名：<<生物计算>>

13位ISBN编号：9787030263933

10位ISBN编号：7030263936

出版时间：2010-3

出版时间：科学出版社

作者：杨晶,胡刚,王奎,沈世镒

页数：361

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

前言

生物计算中的理论、方法与应用越来越被生物、医学及其他医务工作者所需要与关注，特别是在人类基因组计划实施以来，该学科的发展与研究更凸显出重要的作用。
基因、基因组、蛋白质、蛋白质组等生物学信息的数据采集、储存与分析及其生物学意义，是生物计算乃至生物、医学与医药的重点研究内容之一。
因此在国内外的许多医科院校均被作为重要课程，与生物信息学和生物计算相关内容的课程不仅是研究生的必修课程或选修课程，也是多个专业本科生的专业必修课程或选修课程。
我们先后用了近三年的时间，在开展教学和研究工作的同时编写了本书，目的是为生物学和医学相关专业的本科生与研究生提供一本既通俗易懂，同时又可深入了解相关内容的教材，为该学科的建设与发展服务。
自2004年以来，本人有幸多次参加南开大学数学科学学院沈世镒教授主持的“生物信息学”讨论班。
在讨论与学习过程中，不仅掌握了一些解决生物序列分析与计算的具体算法，更重要的是学到了解决生物序列分析的一些新方法和新思想。
如生物序列的多种比对算法、数据结构中的语义分析及其在蛋白质结构分析中的应用等。
这些方法从不同角度对生物计算中的有关问题进行研究与探讨，并在许多方面得到了很好的应用。
在学习过程中，与南开大学数学科学学院胡刚、王奎博士等合作，对生物计算中的算法以及相关软件包的使用等问题有了更深入与确切的理解，使本书得以顺利完成。
我们希望能将该领域中的主要内容与方法介绍给读者。
“生物计算”与“生物信息学”在本质上无大的区别，国内外的许多院校均把它们看作同一领域的学科。
在本书中，我们把“生物计算”看作较偏重于原理与方法，同时注重它们的实现与应用，在介绍国外先进与常用算法的同时，增加了相应软件包的使用与分析等内容。

第一图书网, tushu007.com

内容概要

本书介绍生物计算中的几种主要方法，如序列比对、系统发育分析、蛋白质序列的语义分析与结构预测、基因识别与生物芯片的数据分析等，给出它们的基本问题与有关的方法及应用。
全书由三部分组成，第一部分介绍这些问题的由来与主要内容，给出它们的基本原理、计算与分析方法及应用意义，同时介绍一些国际上较为通用的软件包，第二部分是生物学备忘录，介绍有关生物学的基础知识，第三部分是数学备忘录，介绍与这些生物计算有关的数学理论与方法。
　本书可作为数学、生物、医学、化学等专业的本科生或研究生教材，其中第一部分内容可作为各专业的公共部分，而第二、三部分内容可供各专业适当选用。

书籍目录

《数学与现代科学技术丛书》序前言第一部分 基本方法 第1章 生物序列突变与比对分析 1.1 生物序列突变与比对问题 1.1.1 生物序列的类型与结构 1.1.2 生物序列突变与比对问题的意义与应用 1.1.3 生物序列比对的原理与方法 1.2 二重序列比对的有关算法 1.2.1 关于动态规划算法的一些说明 1.2.2 动态规划算法 1.2.3 统计判决算法的基本思想 1.2.4 BLAST软件的使用 1.3 多重序列的比对问题 1.3.1 MSA的意义与概况 1.3.2 MSA的定义与优化准则 1.4 MSA算法与计算 1.4.1 MSA算法的基本概念 1.4.2 MSA的算法步骤 1.4.3 ClustalW软件的使用 1.4.4 关于MSA的几点说明 1.4.5 几个多重序列比对应用例子 1.5 SPA算法的原理与计算 1.5.1 SPA算法的基本原理 1.5.2 SPA算法的基本步骤 1.5.3 SPA算法源码 1.5.4 SPA算法的有关问题讨论 1.5.5 SPA算法的一个实例计算 习题与思考 第2章 系统发育分析 第3章 蛋白质一级结构的语义分析 第4章 蛋白质结构预测 第5章 基因识别 第6章 基因表达数据分析第二部分 生物学备忘录 第7章 核酸与DNA 第8章 氨基酸与蛋白质 第9章 基因与基因组 第10章 生物信息数据库第三部分 数学备忘录 第11章 智能计算理论与算法 第12章 概率、信息与统计 第13章 随机过程 第14章 有关图与树的基本知识参考文献索引《数学与现代科学技术丛书》已出版书目

章节摘录

（2）重复序列与基因交叉问题。
由人类基因组与各种不同类型生物体基因组的测定发现，在同一生物体（尤其是在高等生物体）的基因组中，存在大量基因的重复与交叉问题。
所谓重复序列，就是在同一基因组中一些DNA片段重复出现，这些片段有长有短，较长的片段长达数百万，有的片段虽短，但可能重复出现数百万次。
这种重复不是简单一致定义下的相同，而是在一定相似率定义下的重复，因此必须通过序列的比对才能发现并确定这些重复序列。
基因的交叉就是同一基因在基因组中往往由多条不同的DNA片段组成，在生物学中称这些组成基因的不同片段为外显子，中间间隔部分称为内含子，在基因编码成蛋白质时，内含子被切除，部分外显子排列的次序会发生重叠或颠倒，生物学中称这种现象为基因交叉，这种交叉结构的分析同样需要序列的比对计算。

第一图书网, tushu007.com

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