

<<生物信息学>>

图书基本信息

书名：<<生物信息学>>

13位ISBN编号：9787030288738

10位ISBN编号：7030288734

出版时间：2010-9

出版时间：科学出版社

作者：(英) 霍奇曼 (T.Charlie Hodgman) (英)

页数：340

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>

<<生物信息学>>

前言

自从精要速览系列的生物信息学第一版出版以后，生物信息学领域已经有了实质性的发展，而且正在变成一门具有自身特点的学科。

我们非常感谢出版商给我们机会出版生物信息学第二版，这使我们能够根据两个目标来重新构思这本书。

首先，为化学、生物学、医学和神经学等研究领域的信息学研究者提供资料；其次展示这些通用的信息学技术如何应用在生命科学的大多数领域，而不仅仅是在生物信息学最初活跃的分子生物学领域。

本书章节主要分成三部分，第一部分（A章和B章）主要对这个学科进行介绍。

A章概述了使生物信息学成为一个必需领域的因素。

B章主要介绍该学科从20世纪60年代兴起，经过的令人振奋（或是令人兴奋）的20世纪90年代，直到生物信息学正应用于所有类型的生物学信息的21世纪的简要历史（通过对一系列的生物信息学这一术语的定义）。

第二部分是信息学的基础部分（从C章到I章）：物理学，数学和计算机科学。

但缺少一项重要内容——计算机编程是生物信息学的基本技能，受图书篇幅限制，无法进行有用语言的充足训练。

由于这是一个特别实用的领域，最好是将这个问题留给大量的其他可以利用的书籍。

不过，我们尽力概述有效的数据管理和程序设计习惯的基础知识。

第三部分包含生物学的应用领域（从J章到R章）。

它包括三个部分：分子生物学；新陈代谢，解剖学，生理学；复杂的信息来源（特别是图像的数据集和自然语言文本）。

后者仍然是提取准确的量化数据最困难的地方。

第二和第三部分的关联如下图所示，这强调基础部分的基础重要性。

从两者紧密联系的网络来看，它们二者的应用领域都存在明显的相互依赖。

<<生物信息学>>

内容概要

“精要速览系列 (Instant Notes Series) ”丛书是国外教材“ Best Seller- ”榜的上榜教材。该系列教材结构新颖，视角独特；重点明确，脉络分明；图表简明清晰；英文自然易懂，被许多高等院校双语教学选用。

《生物信息学 (第2版) (导读版) 》在前版基础上修订，涵盖了生物信息学的基本内容及拓展知识。

全书共分三大部分：学科概况 (A-B)、基础部分 (C-I)、应用领域 (J-R)，合计18章：A生物学研究方式的转变、B生物信息学的定义、C物理学要素、D数据及数据库、E数据类型、F计算、G概率与统计、H模拟与数学技术、I人工智能和机器学习、J基因组及其他序列、K转录组学、L蛋白质与蛋白质组学技术、M代谢组学、N超分子结构、O生化动力学、P生理学、Q图像分析、R文本分析。书前附有缩略词表，书后附有进一步阅读的文献以及索引。

《生物信息学 (第2版) (导读版) 》适合普通高校生命科学、医药科技相关专业，以及数学、物理、化学、计算机等理工科专业教学使用，也可供科研人员参考阅读。

<<生物信息学>>

书籍目录

前言缩略词A 生物学研究方式的转变B 生物信息学的定义C 物理学要素D 数据及数据库E 数据类型：E1 数据类型E2 生物信息学中数据表达的最佳方法F 计算G 概率与统计G1 概率和概率分布G2 条件概率和贝叶斯法则G3 基本的统计学检验H 模型与数学技术H1 系统特征H2 图论及其应用H3 常微分方程和代数H4 高级模拟技术H5 形状、变形和生长1 人工智能和机器学习1 人工智能和机器学习的概论12 人工智能和机器学习的统计学方法13 人工智能和机器学习的计算方法J 基因组及其他序列J1 数据库和数据源J2 基因组注释J3 序列分析J4 序列家族、联配和系统发育J5 结构域家族和数据库K 转录物组学K1 转录谱K2 转录分析的统计问题K3 基因表达的差异分析K4 多元技术和网络推理K5 数据标准和实验设计L 蛋白质与蛋白质组学技术L1 蛋白质组学技术L2 相互作用蛋白质组学L3 相互作用数据库和网络L4 结构生物信息学L5 结构分类L6 结构预测和模建L7 分子动力学和药物设计M 代谢物组学N 超分子结构N1 超分子结构N2 组织和生物体尺度结构O 生化动力学01 新陈代谢网络的研究02 微积分和代数学的应用P 生理学P1 生理学P2 整合生物学和植物模型P3 整合生物学——结束语Q 图像分析Q1 什么是图像分析Q2 什么是生物科学研究中的图像分析Q3 图像增强Q4 特征检测Q5 数据析取R 文本分析进一步阅读的文献索引

章节摘录

Be careful when specifying data types. For example, be aware that specifying a number as a double type in one piece of software and converting to an integer type in another piece of software will cause the number to lose all information beyond the decimal point. Also be aware that in this situation the number may be rounded up or down, depending on the software. Never mix data types, unless your software can handle the ambiguity. Probably the simplest case of this is the occurrence of ambiguity codes in DNA sequences; for example, R refers to a purine, and Y refers to a pyrimidine. Software that does not handle such codes cannot be blamed for generating erroneous results, if the user inputs sequences for which it was never intended. Be aware of data range limitations. For example, 8-bit numbers only have a range of 256 values (2^8). Data overflow can occur if you try and store numbers larger than the maximum permitted. For example, in the Java language, a signed long can store a maximum value of 9 223 372 036 854 775 807 ($2^{63}-1$). This may seem like a large number, but beware that doing multiplicative calculations with array data, such as that derived from images, can easily exceed this amount. In this case, the system may not return an error message, and may instead store a nonsense number in the variable. This is called data overflow, and is tricky to trace when debugging software. Therefore it is a good idea to take this into account when deciding how to represent your numbers in the first place!

Storing continuous numbers as discrete numbers.

编辑推荐

快速、准确掌握专业知识和专业外语的最佳套书！

一种对教材概念的新的诠释！

精炼学科核心内容，以相对独立又互相关联的专题形式介绍各学科基础知识。

版式设计独特，方便学生快速、便捷地领会学科要点，便于复习与记忆。

编写风格统一，提供“结构化”学习方法。

世界范围内的主流教材——欧洲、北美等地众多高校广泛参考和使用，国内数百家高校双语教学课程选用。

精要速览系列图书1999年面世至今受到广大读者的关注，2009年科学出版社隆重推出11个分册导读的新版图书。2010年计划推出9个分册的中译版。

其编写风格、取材角度仍继承前版特色，在内容上根据各学科发展进行修订和扩充。

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>