

<<数值方法在生物医学工程中的应用>>

图书基本信息

书名：<<数值方法在生物医学工程中的应用>>

13位ISBN编号：9787111253655

10位ISBN编号：7111253655

出版时间：2009-1

出版时间：Stanley M. Dunn、Prabhas V. Moghe、Alkis Constanttinide、封洲燕 机械工业出版社 (2009-01 出版)

作者：(美)史丹利等著
封洲

页数：514

译者：封洲燕

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

近年来生物医学工程学科发展迅速，国内许多大学都开设了生物医学工程专业。

但是，正如本书作者在前言中所言，针对该专业本科生教学的教材却寥寥无几，特别是有关数值计算和生物医学系统仿真建模的教材，本书是第一本。

作为工程专业之一，数值计算是生物医学工程本科生教学的重要内容；但是，目前国内各大学在开设该专业数值计算课程时，普遍采用工科类的通用教材，内容与生物医学领域所涉及的数值问题缺乏紧密的联系。

因此，本书的翻译、出版将给生物医学工程专业的本科教学提供一本合适的数值计算教材。

本书由美国Rutgers大学的3位教授合作完成，2006年由Elsevier出版公司出版，英文版是该校生物医学工程专业的本科教材。

本书的特色是：深入浅出并系统全面地介绍了数值计算的基本理论和各种方法，以及MATLAB、Simulink等计算工具的使用方法；大量列举了分子、细胞和生理等各个不同层次生物医学系统的建模和求解实例，所涉及的研究内容非常广泛，包括生物力学、组织工程、信号处理和图像处理、分子生物学、生物医学仪器、药物代谢动力学等，很好地反映了生物医学工程交叉学科的特点；无论是对于数值计算的基本方法，还是对于生物医学系统的建模实例，书中都提供了完整的MATLAB程序，详细说明了各种数值解法；各章最后附有练习题，适合作为教材使用。

另外，书中所有程序均可以从网站下载(<http://books.elsevier.com/companions/0121860310>)。在翻译过程中，对原书某些明显的笔误或印刷错误已作了更正，为保持译著的简洁流畅，没有加以标注。

本书的翻译得到了国家自然科学基金项目的资助(项目编号为30570585和30770548)。

在本书完稿之际，特别感谢我丈夫徐政的长期支持和鼓励，以及对部分译稿的仔细校读和修正。

另外，郑晓静和徐琼璟同学参与了部分工作，在此深表谢意。

限于译者水平，书中难免存在错误和不妥之处，恳请广大读者批评指正。

译者联系方式：hmfzy@yahoo.com.cn。

<<数值方法在生物医学工程中的应用>>

内容概要

《数值方法在生物医学工程中的应用》是一部全面介绍生物医学领域仿真建模和数值求解方法的教科书，主要包括4部分内容：生物医学系统的特性和行为，以及数学建模的基础知识；稳态系统建模的方法和常规求解方法，并举例说明了这些方法在分子、细胞和生理各个不同层次的生物医学系统中的应用；动态生物系统的建模和数值求解方法，重点分析了含有常微分方程或偏微分方程的多维生物医学系统的动态模型；举例说明数值方法在复杂生物系统仿真建模中的综合应用。

《数值方法在生物医学工程中的应用》的内容十分广泛和全面，所介绍的数值方法不仅包括代数方程、常微分方程和偏微分方程的求解方法，还包括数值解的稳定性分析和统计分析等内容，以及MATLAB、simulink编程仿真工具和PHYSBE等仿真系统。

书中列举了大量生物医学研究领域的问题求解实例，所涉及的范围非常广泛，并且都给出了完整的仿真计算程序，实用性很强。

因此，《数值方法在生物医学工程中的应用》不仅可以作为国内生物医学工程专业本科生或研究生课程的教材，还可以作为生物学、生物材料、生物化学、生物物理学以及生理学等其他专业开设的定量生物学课程的教材，另外，对于致力于生物医学系统仿真建模和数值分析的其他技术人员和研究人员也是一本很好的参考书。

作者简介

作者：(美国)Stanley M. Dunn (美国)Prabhas V. Moghe (美国)Alkis Constanttinide 译者：封洲燕

书籍目录

译者序前言第1部分 基础知识第1章 生物医学系统建模1.1 生物医学工程1.2 生物医学工程的基本特点1.3 创建工程模型1.3.1 问题求解的基本步骤1.3.2 建立守恒定律的数学公式1.3.3 平衡方程的应用1.4 利用计算机求解生物医学模型的范例1.4.1 实时PCR效率的建模仿真1.4.2 经颅磁刺激的建模1.4.3 心脏电生理建模1.4.4 应用数值方法模拟心血管系统对于重力作用的反应1.5 本书概况1.5.1 第1部分：基础知识1.5.2 第2部分：系统的稳态行为(代数模型)1.5.3 第3部分：系统的动态行为(微分方程)1.5.4 第4部分：建模工具及其应用1.6 本章学习要点1.7 习题1.8 参考文献第2章 计算技术入门2.1 绪论2.2 计算机在生物医学工程中的角色2.3 程序设计语言工具及方法2.3.1 顺序语句2.3.2 条件执行语句2.3.3 循环语句2.3.4 封装2.4 MATLAB的数据结构基础2.4.1 数的表示2.4.2 数组2.4.3 字符和字符串2.4.4 逻辑(布尔)数据类型2.4.5 元胞和元胞数组2.4.6 MATLAB没有明确定义的数据结构2.4.7 数据类型转换2.5 面向对象系统简介2.6 算法分析和程序分析2.6.1 算法的复杂度2.6.2 运算时间的计算2.7 本章学习要点2.8 习题第3章 数值分析的概念3.1 科学计算3.2 数值算法及其误差3.3 泰勒级数3.4 减小误差3.5 MATLAB的浮点数表达3.5.1 浮点数表达的IEEE754标准3.5.2 浮点数的算术运算、截断和舍入3.5.3 舍入误差的累积和消去误差3.6 本章学习要点3.7 习题3.8 参考文献第2部分 系统的稳态行为第4章 生物医学系统的线性模型4.1 绪论4.2 线性生物医学系统举例4.2.1 生物力学中的力平衡4.2.2 生物医学图像以及图像处理4.2.3 代谢工程和细胞生物技术4.3 线性代数方程组4.3.1 3×3 阶矩阵的简单高斯消元法示例4.3.2 高斯消元法的矩阵表示4.4 高斯-若尔当消元法4.5 线性系统求解的迭代法4.5.1 雅可比法4.5.2 高斯-赛德尔迭代法4.6 本章学习要点4.7 习题4.8 参考文献第5章 生物医学系统中的非线性模型5.1 绪论5.2 非线性方程的一般形式5.3 非线性生物医学系统举例5.3.1 分子生物工程5.3.2 细胞和组织工程5.3.3 生物热传导——光热疗法5.3.4 生物医学中的流体传输动力学5.4 逐次代换法5.5 试位法(线性插值法)5.6 牛顿-拉弗森法5.7 牛顿法求解非线性方程组5.8 本章学习要点5.9 习题5.10 参考文献第3部分 系统的动态行为第6章 有限差分法、插值法和积分法6.1 绪论6.2 符号算子6.3 向后有限差分6.4 向前有限差分6.5 中心有限差分6.6 插值多项式6.7 等距节点插值6.7.1 格雷戈里-牛顿插值法6.8 非等距节点插值6.8.1 拉格朗日多项式6.8.2 样条插值6.9 积分公式6.10 牛顿-科茨求积公式6.10.1 梯形公式6.10.2 辛普森 $1/3$ 公式6.10.3 辛普森 $3/8$ 公式6.10.4 牛顿-科茨求积公式小结6.11 本章学习要点6.12 习题6.13 参考文献第7章 动态系统：常微分方程7.1 绪论7.1.1 药物代谢动力学——药物吸收动力学7.1.2 组织工程——细胞分化、细胞粘附以及细胞迁移动力学7.1.3 代谢工程——活细胞的糖酵解途径7.1.4 分子的跨膜运输7.2 常微分方程的分类7.3 标准型的转化7.4 非线性常微分方程组7.4.1 欧拉法和改进欧拉法7.4.2 龙格-库塔法7.4.3 微分方程组7.4.4 求解非线性微分方程组的MATLAB函数7.5 线性常微分方程组7.5.1 应用特征值和特征矢量的求解方法7.5.2 求解线性微分方程组的MATLAB函数7.6 稳态解及其稳定性分析7.7 数值稳定性和误差传播7.8 应用举例7.9 本章学习要点7.10 习题7.11 参考文献第8章 动态系统：偏微分方程8.1 绪论8.2 生物医学系统中的偏微分方程8.2.1 生物膜的跨膜扩散8.2.2 大分子扩散和药物释放控制8.2.3 人造血管中的细胞迁移8.2.4 生理血管和体外管道中的流体流动8.3 偏微分方程分类8.4 初始条件和边界条件8.5 求解偏微分方程8.5.1 椭圆型偏微分方程8.5.2 抛物型偏微分方程8.5.3 双曲型偏微分方程8.6 极坐标系统8.7 稳定性分析8.8 MATLAB中的偏微分方程工具箱8.9 本章学习要点8.10 习题8.11 参考文献第4部分 建模工具及其应用第9章 测量、建模与统计分析9.1 数值方法的作用9.2 测量、误差以及不定度9.3 描述性统计学9.4 推断统计学9.5 最小二乘法建模9.6 曲线拟合9.6.1 拉格朗日插值多项式9.6.2 牛顿差商插值多项式9.6.3 样条9.7 傅里叶变换9.8 本章学习要点9.9 习题9.10 参考文献第10章 生物医学系统的建模仿真：应用举例10.1 生物医学系统的数学模型10.2 PhysioNet、PhysioBank和PhysioToolkit10.2.1 ECG仿真10.2.2 PhysioBank数据的读取10.3 信号处理——EEG数据分析10.4 糖尿病及其胰岛素治疗10.5 肾清除率10.6 配准问题以及运动分析10.7 PHYSBE仿真系统10.7.1 主动脉搏管10.7.2 主动脉瓣狭窄10.7.3 室间隔缺损10.7.4 左心室肥大10.8 参考文献附录附录A MATLAB简介A.1 MATLAB环境A.1.1 设置MATLAB环境A.1.2 MATLAB的路径A.1.3 寻找MATLAB的帮助信息A.2 基本运算符A.3 矢量和矩阵A.3.1 创建特殊数组的MATLAB函数A.3.2 数组的算术运算A.4 MATLAB的内置函数A.5 图形A.6 脚本和函数A.7 程序流的控制A.8 数据的显示、输入和输出A.8.1 显示数据和结果A.8.2 数据的存取A.8.3 在程序中生成数据和保存数据A.9 符号运算A.9.1 代数方程的符号求解法A.9.2 微分方程的符号求解法A.9.3 符号微分A.9.4 符号积分A.10 MATLAB的工具箱A.11 参考文献附录B simulink简

<<数值方法在生物医学工程中的应用>>

介B.1 动态系统仿真B.2 启动SimulinkB.2.1 正弦波发生器的Simulink模型B.2.2 仿真模型的修改B.3 Simulink
模块库B.4 构建模型B.4.1 代数运算、信号路由以及MATLAB变量B.4.2 微分方程组B.4.3 PHYSBE及其子
系统B.5 参考文献附录C 线性代数及其相关的MATLAB指令C.1 矩阵和矢量的运算C.2 矩阵分解附录D
微分方程的解析解D.1 一阶常微分方程D.1.1 变量可分离的微分方程D.1.2 齐次方程D.1.3 全微分方
程D.1.4 线性微分方程和积分因子D.1.5 非线性微分方程和积分因子D.2 高阶常微分方程D.2.1 常系数齐
次线性微分方程D.2.2 常系数非齐次线性微分方程D.3 变量可分离偏微分方程D.3.1 扩散方程D.3.2 位势
方程D.3.3 周期函数和傅里叶级数D.3.3.1 偶对称函数和奇对称函数D.4 拉普拉斯变换D.4.1 拉普拉斯变
换D.4.2 常微分方程的求解D.4.3 偏微分方程的求解D.5 参考文献附录E 数值稳定性等问题E.1 欧拉法
的稳定性E.2 龙格-库塔法的稳定性E.3 多步算法的稳定性E.4 偏微分方程数值方法的稳定性E.5 步长控
制E.6 刚性微分方程组E.7 参考文献

章节摘录

第1部分 基础知识第1章 生物医学系统建模1.1 生物医学工程生物医学工程是工程技术的一个分支，用来解决生物学和医学中的有关问题。

本书是面向生物医学领域工程人员的一本数值方法入门教程。

数值方法就是利用计算机进行精确、有效、稳定的计算的一种数学方法，它是工程人员利用计算机分析系统行为的工具。

本书讲述的数值方法用于求解生物医学系统的数学模型。

生物医学领域的工程人员利用电子、机械、化学、材料以及计算机工程等许多传统学科的原理、方法和技术解决各种生物医学难题。

所涉及的技术包括：电子工程方面的电路和系统、图像和图像处理、仪器、测量和传感器等；机械工程方面的流体力学、固体力学、热传导、机器人和自动化以及热力学等；化学工程方面的物质运输现象、聚合物和材料、生物技术、药物设计以及药品生产等。

工程人员如果要应用这些理论解决生命科学和医疗保健领域中的各种问题，就必须同时了解和熟悉系统水平、细胞水平以及分子水平的生物学解剖知识和生理知识。

如果涉及医疗保健领域的工作，还需要熟悉心血管系统、神经系统、呼吸系统、循环系统、肾脏系统以及体液系统等生理知识。

<<数值方法在生物医学工程中的应用>>

编辑推荐

《数值方法在生物医学工程中的应用》深入浅出并系统全面地介绍了数值计算的基本理论和各种方法，以及MATLAB、Simulink等计算工具的使用方法；大量列举了分子、细胞和生理等各个不同层次生物医学系统的建模和求解实例，所涉及的研究内容非常广泛，包括生物力学、组织工程、信号处理和图像处理、分子生物学、生物医学仪器，药物代谢动力学等等，很好地反映了生物医学工程交叉学科的特点；不论是对数值计算的基本方法，还是对生物医学系统的建模实例，书中都提供了完整的MATLAB程序，详细说明了各种数值解法，各章最后附有练习题，适合作为教材使用。

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>