

<<生物信息学导论>>

图书基本信息

书名：<<生物信息学导论>>

13位ISBN编号：9787302250227

10位ISBN编号：7302250227

出版时间：2011-6

出版时间：清华大学出版社

作者：王勇献，王正华 编著

页数：499

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>

<<生物信息学导论>>

内容概要

《生物信息学导论--面向高性能计算的算法与应用》主要针对生物信息学中的典型应用，从计算方法角度介绍相关算法的原理及应用；内容分成生物学及数理基础、生物序列分析、蛋白质组学分析及大规模生物学网络分析等四个专题，涉及生物分子序列分析、基因发现、分子进化分析、蛋白质结构预测、蛋白质肽测序、生物学网络模块划分等具体问题的求解原理及算法实现。

《生物信息学导论--面向高性能计算的算法与应用》的读者对象是具有现代分子生物学及计算机科学基本知识的研究生及相关科研人员，在附加习题后也可作为生物信息学方面的入门及进阶教材，供生物医学工程、计算机应用等专业学生使用。

<<生物信息学导论>>

书籍目录

第一篇 预备知识篇

第1章 分子生物学基础

- 1.1 生命的演化与分类
- 1.2 核酸：dna与rna
- 1.3 蛋白质
- 1.4 dna的复制
- 1.5 基因与染色体
- 1.6 基因表达
- 1.7 现代生物工程技术
- 1.8 现代分子生物学中的经典计算问题

第2章 数学及计算机科学基础

- 2.1 线性代数理论
- 2.2 概率论基础知识
- 2.3 最优化理论
- 2.4 统计学习理论
- 2.5 函数增长速度的比较

第二篇 序列分析篇

第3章 序列比对的基本方法

- 3.1 序列的相似性与同源性
- 3.2 点阵图
- 3.3 两序列比对概述
- 3.4 全局比对的动态规划方法
- 3.5 局部比对的动态规划方法
- 3.6 重叠区域匹配的准全局比对算法
- 3.7 空位罚分模型
- 3.8 仿射空位罚分模型下的全局比对算法
- 3.9 仿射空位罚分模型下的局部比对算法
- 3.10 降价空间存储的两序列比对算法
- 3.11 降低时间开销的两序列比对算法
- 3.12 比对得分的正则化
- 3.13 启发式的近似寻优比对算法
- 3.14 比对得分的统计学显著性
- 3.15 多序列比对
- 3.16 氨基酸替换矩阵
- 3.17 小结

第4章 序列比对的并行计算

- 4.1 并行编程模型
- 4.2 并行计算机系统结构
- 4.3 序列比对及其并行化方案
- 4.4 smith-waterman算法的细粒度并行实现
- 4.5 序列数据库搜索的粗粒度并行算法
- 4.6 多序列比对的并行算法
- 4.7 基于专用硬件fpga的序列比对

第5章 基于字符串精确匹配的序列比较

- 5.1 模式的精确匹配与非精确匹配

<<生物信息学导论>>

- 5.2 朴素的模式匹配算法
- 5.3 线性时间的字符串搜索算法
- 5.4 基于关键字树的模式集合匹配算法
- 5.5 后缀树
- 5.6 后缀树的构造
- 5.7 后缀数组
- 5.8 基因组中的重复序列
- 5.9 后缀树用于搜索重复子串和独特子串
- 5.10 最长重复序列的搜索算法
- 5.11 广义后缀树
- 5.12 最长公共子串问题
- 5.13 k次失配问题
- 5.14 小结

第6章 基因识别

- 6.1 基因识别与预测的计算方法
- 6.2 预测算法的准确性度量
- 6.3 独立识别法
- 6.4 基于比较的基因识别方法

第7章 马氏链与隐马氏模型

- 7.1 马尔可夫链
- 7.2 隐马尔可夫模型
- 7.3 计算全概率的正向算法
- 7.4 计算全概率的反向算法
- 7.5 解码问题的viterbi算法
- 7.6 模型参数的估计
- 7.7 带有哑状态的hmm
- 7.8 谱hmm
- 7.9 采用谱hmm进行多序列比对建模
- 7.10 利用hmm对基因识别问题进行建模

第8章 序列进化的基本模型

- 8.1 核苷酸替代的进化模型
- 8.2 连续时间下的进化模型
- 8.3 离散时间下的进化模型

第9章 分子进化树的重构

- 9.1 进化树的概念与术语
- 9.2 进化树重构的简约类方法
- 9.3 进化树重构的距离类方法
- 9.4 进化树重构的统计类方法
- 9.5 树拓扑空间的搜索技术
- 9.6 似然度最大化的数值算法
- 9.7 模型选择与假设检验问题
- 9.8 进化树拓扑结构的建模、估计与检验

第三篇 蛋白质组学分析篇

第10章 蛋白质的结构预测

- 10.1 蛋白质的层次性结构
- 10.2 常见的二级结构单元
- 10.3 蛋白质二级结构检测

<<生物信息学导论>>

- 10.4 蛋白质二级结构预测的计算方法
- 10.5 蛋白质二级结构预测算法的性能评价
- 10.6 蛋白质结构的比对方法
- 第11章 蛋白质序列鉴定的质谱分析
 - 11.1 质谱技术
 - 11.2 质谱数据分析
 - 11.3 实验质谱数据的预处理
 - 11.4 质谱比较的非概率型打分方法
 - 11.5 质谱比较的概率型打分方法
 - 11.6 基于串联质谱的蛋白质鉴定
 - 11.7 蛋白质鉴定的从头测序法
 - 11.8 含有修饰的质谱比较与肽鉴定
- 第四篇 生物学网络分析篇
 - 第12章 蛋白质相互作用的预测
 - 12.1 蛋白质之间的相互作用
 - 12.2 蛋白质相互作用测定的实验方法
 - 12.3 研究蛋白质相互作用的生物信息学分析方法
 - 12.4 蛋白质结构域水平的相互作用预测
 - 12.5 小结
 - 第13章 生物学网络的模块划分
 - 13.1 引言
 - 13.2 复杂网络的结构特征
 - 13.3 复杂网络结构特征度量指标的计算方法
 - 13.4 生物学网络结构分析的并行计算
 - 13.5 复杂网络的结构模块划分及生物学网络功能模块挖掘
 - 13.6 生物学网络模块划分的传统聚类方法
 - 13.7 生物学网络模块划分的谱聚类方法
 - 13.8 生物学网络模块划分的混合式聚类算法
 - 13.9 网络模块划分结果的评价
 - 第14章 大规模网络的数据挖掘技术
 - 14.1 聚类分析
 - 14.2 层次聚类法
 - 14.3 k均值聚类方法
 - 14.4 核分析方法
 - 14.5 基于核的k均值聚类方法
 - 14.6 谱聚类方法
 - 14.7 k均值聚类与谱聚类的统一
- 主题索引
- 人名索引
- 插图索引
- 表格索引
- 算法索引
- 参考文献

<<生物信息学导论>>

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>