<<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、蛋白质组学分析以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 讲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