第一图书网, tushu007.com

<<DNA计算中的编码方法>>

图书基本信息

书名：<<DNA计算中的编码方法>>

13位ISBN编号：9787302291695

10位ISBN编号：7302291691

出版时间：2012-6

出版时间：清华大学出版社

作者：朱翔鸥，刘文斌　著

页数：120

字数：111000

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

<<DNA计算中的编码方法>>

内容概要

编码问题是DNA计算中的基本问题，也是关键问题。
在DNA计算模型中，数据通过DNA编码表示，数据计算和处理通过DNA分子间的特异性杂交来完成，DNA编码质量直接影响DNA计算的精确度。
《DNA计算中的编码方法》介绍了DNA计算模型和应用，阐述了DNA计算的编码问题，针对编码方法展开讨论，研究了线性编码方法以及构造和计数问题，研究了模板、模板框和单模板等编码方法，最后建立了DNA解链温度的预测模型。

《DNA计算中的编码方法》适合从事DNA计算及相关领域的科研人员参考，也可以供高校、科研机构的研究生学习参考。

作者简介

朱翔鸥，男，1969年11月出生，副教授，硕士研究生导师，温州大学电器研究所副所长。
目前从事智能计算、电器智能化的研究及应用工作，主持浙江省重大科技推广项目和浙江省自然科学基金项目各1项，发表学术论文30余篇，其中SCI、EI检索20余篇。
曾获2010年浙江省科学技术二等奖、2007年浙江省高等学校科研成果二等奖，浙江省重点科技创新团队核心成员，兼任浙江省块状经济常驻专家，温州市新世纪551人才。

刘文斌，男，1969年6月出生，教授，工学博士，温州大学计算机软件与理论学科带头人，浙江省中青年学科带头人。
2004年获得华中科技大学控制系系统工程专业博士学位，2004-2006在华中科技大学生物医学工程专业博士后流动站做研究工作，2007年在美国系统生物研究所（ISB）访学研究。
先后入选浙江省“高校优秀青年教师资助”计划、温州市“新世纪551人才工程”和浙江省“中青年学科带头人”资助对象。
主要研究方向为计算生物学、DNA计算、数据挖掘、模式识别、智能计算等。
近年来，累计在国内外重要期刊杂志和会议发表学术论文共40余篇。
曾主持国家自然科学基金项目二项、浙江省自然科学基金项目二项和中国博士后科学基金一项（二等），获得省部级奖励二项、厅级奖励二项。

书籍目录

第1章 DNA计算的概述
1.1 引言
1.2 DNA计算模型
1.2.1 基于非线性分子结构的计算模型
1.2.2 DNA进化算法
1.1.3 基于DNA的布尔电路模拟
1.4 基于DNA的大规模数据库
1.5 在生物信息处理方面的应用
1.6 编码问题的研究
1.7 小结
第2章 DNA计算中的编码问题
2.1 引言
2.2 编码问题及其影响因素
2.3 编码方法
2.4 编码的计数问题
2.5 小结
第3章 线性编码方法
3.1 引言
3.2 DNA计算的编码的约束条件
3.3 编码的构造
3.4 算法
3.5 热力学性质
3.6 小结
第4章 构造DNA计算的线性编码
4.1 引言
4.2 线性编码的模运算
4.3 构造线性编码
4.4 编码的存在性
4.5 编码的存在性结果
4.6 小结
第5章 DNA计算线性编码的计数方法
5.1 引言
5.2 DNA计算线性编码的算法
5.2.1 独立约束
5.2.2 组合约束的搜索算法
5.3 组合约束的计数
5.4 小结
第6章 模板编码方法
6.1 引言
6.2 编码的搜索
……
第7章 模板框
第8章 单模板编码方法
第9章 基于BP神经网络的DNA解链温度（Tm）的预测模型
参考文献

章节摘录

制性内切酶FOKI实现了一种可编程的2状态有限自动机[40]。
2004年，他们将其提出的2状态分子自动机模型应用于癌症的基因诊疗研究，通过与癌症发病相关基因的mRNA浓度调节上述自动机的状态转换分子活性，当癌症发病相关基因的mRNA浓度升高（或降低）时，将状态转换为阳性的状态转换分子被激活概率升高，得出阳性诊断结果[41]。
1.6编码问题的研究　由于DNA计算是以组成生命的遗传物质DNA分子进行编码、处理信息的，因而编码问题的研究随着DNA计算的研究引起研究人员的注意。
1996年，Princeton大学的Baum首先提出了进行DNA计算的编码间的相似度的研究[42]。
随后，很多研究小组都在这方面作了大量工作。
韩国的Garzon、Deaton、Rose等从热力学、信息论等方面对编码问题进行了深入的研究，特别是Garzon还首次给出了编码问题的定义，并提出了基于DNA分子的四个字母的超立方体的概念以及H-测度等[43][44][45][46][47][48]。
Wisconsin大学的研究小组结合信息论中的编码理论对编码问题进行了研究，其中以Coddon等为主要代表，提出并对模板编码方法进行了研究[49][50]。
此外，日本的Arita在模板编码方法的研究中也有很好的工作[51][52]。
我们主要以模板编码方法为基础，对其进行了深入的研究，并得到了一些有意义的成果，详细内容在后续章节。
德国的Feldkamp等给出了另一种定义序列间相似度的方法--最大相同子串，来衡量二个编码间的相似度，并给出了一个基于前缀树的编码构造算法，在此基础上还开发出了能根据各种要求生成编码的软件包[53][54]。
Braich等提出采用三字母表的编码策略[55]，来降低DNA分子生产二级结构。
我们在此方面也进行了一些研究工作，结果发现：最大相同子串的约束性非常强，其编码数量随编码长度的增加变化不大[56]。
Suyama等提出了正交编码数的概念[57]。

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