

<<计算生物学导论>>

图书基本信息

书名：<<计算生物学导论>>

13位ISBN编号：9787030251565

10位ISBN编号：7030251563

出版时间：2009-8

出版时间：科学出版社

作者：M.S.Waterman

页数：356

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>

<<计算生物学导论>>

前言

仅仅在1953年才确定了著名的DNA双螺旋结构。自从那时起，出现了一系列惊人的发现。阐明遗传密码仅仅是开始。了解基因和它们在真核生物，如人类基因组中不连续性的细节，已经导致能够研究和操作Mendel的抽象概念——基因本身。学会越来越快地阅读遗传材料使我们能够试图解读整个基因组。像我们正在接近21世纪一样，我们也正在接近生物学不可思议的新纪元。

分子生物学的革新率惊心动魄。一代人为写博士论文必须煞费苦心掌握的实验技术，对现代大学生来说成为例行实验。数据的积累已经使建立国际核酸、蛋白质、单个生物体，甚至染色体的数据库成为必要。粗略地度量核酸数据库的大小进展过程成指数增长，从而新的学科（如果这样说太自大了）：生物学和信息科学结合的新的专门领域正在不断产生。在巨大的数据库中寻找相关事实和假设，对生物学来说变得非常重要。这本书是关于生物学数据库，特别是关于序列和染色体的数学结构的。

数学书名趋向于简洁、隐匿的观点，而生物学的书名通常比较长，包含的信息更多，相当于数学家给出的简单摘要。相应地，生物学家的摘要要有数学家引言的长度和细节。为了努力填补到目前为止几乎孤立的两种文化之间的鸿沟，我的书名反映了这些冲突的传统。“计算生物学导论”是一个短书名，可以用作许多不同书的名字。书名的副标题“图谱，序列和基因组”是让读者知道这本书是关于分子生物学应用的。即使这样也太短，“计算生物学导论……”应该为“计算，统计和数学分子生物学……” 在第1章详细说过，打算读本书的读者应该学过概率和统计的基本课程，也应该掌握微积分。计算机科学中的算法和复杂性的概念也是有帮助的。至于生物学，大学入门课程也非常有用，是每个受教育的人在任何场合都应该知道的材料。本书打算给具有数学技能的人介绍令人着迷的生物数据和问题，而不是给那些喜欢自己学科纯洁又封闭的人。

在如此迅速发展的学科中所做工作有立即变废的重大危险我已经试图在我认为不大会改变的基础上和那些会被明天更巧妙的技术淘汰的数据结构和问题之间建立一个平衡。例如，物理图谱（如限制图谱）的基本性质依旧重要。虽然20年来一直关心双消化问题，它有变成过时的可能。序列装配也容易受到技术的影响而发生许多改变。序列比较总是有意义的，并且动态规划算法是一个好的简单的框架。这些问题都可以嵌入其中，如此等等。

<<计算生物学导论>>

内容概要

本书是Introduction to Computational Biology的中文译著，本书的意图是针对有数学技能的人介绍令人着迷的生物数据和问题，并建立更实际的生物数学的基础。

本书共分15章，其中第1章介绍分子生物学的基本常识，第2—4章介绍限制图谱和多重图谱，第5、6章研究克隆和克隆图谱，第7章讨论DNA序列相关的话题，第8—11章是共同模式下序列比较问题，第12章涉及序列中模式计数的统计问题，第13章叙述RNA二级结构的数学化论述，第14章给出有关序列的进化历史，最后第15章给出某些关键文献的原始出处。本书结构完整，内容更新、更全面。

本书适合高等院校数学和生物专业的高年级大学生、研究生和教师阅读参考，也适合科研单位的研究人员参考。

<<计算生物学导论>>

书籍目录

《生物数学丛书》序前言数学符号第0章 引言 0.1 分子生物学 0.2 数学, 统计和计算机科学第1章 分子生物学一些知识 1.1 DNA和蛋白 1.1.1 双螺旋结构 1.2 中心定理 1.3 遗传密码 1.4 转化RNA和蛋白序列 1.5 基因不简单 1.5.1 开始与停止 1.5.2 基因表达的控制 1.5.3 割裂基因 1.5.4 跳跃基因 1.6 生物化学 问题第2章 限制图谱 2.1 引言 2.2 图 2.3 区间图 2.4 片段大小的度量 问题第3章 多重图谱 3.1 双消化问题 3.1.1 双消化问题的多重解 3.2 多重解分类 3.2.1 反射性 3.2.2 重叠等价 3.2.3 重叠尺寸等价 3.2.4 更多的图论知识 3.2.5 从一条路到另一条路 3.2.6 限制图谱及边界块图 3.2.7 限制图谱的盒变换 3.2.8 一个例子 问题第4章 求解DDP的算法 4.1 算法和复杂性 4.2 DDP是NP完全的 4.3 解DDP的方法 4.3.1 整数规划 4.3.2 划分问题 4.3.3 TSP 4.4 模拟退火法: TSP和DDP 4.4.1 模拟退火法 4.4.2 TSP 4.4.3 DDP 4.4.4 环状图谱 4.5 用真实数据作图 4.5.1 使数据符合图 4.5.2 图谱算法 问题第5章 克隆与克隆文库 5.1 有限的随机克隆数 5.2 完全消化的文库 5.3 部分消化的文库 5.3.1 可克隆基的组分 5.3.2 采样、方法 5.3.3 设计部分消化文库 5.3.4 Poisson近似 5.3.5 获得所有片段 5.3.6 最大表达度 5.4 每个微生物中的基因组 问题第6章 物理基因组图谱: 海洋、岛屿和锚第7章 序列装配第8章 数据库和快速序列装配第9章 动态规划、两个序列比对第10章 多重序列比对第11章 序列比对用到的概率和统计第12章 有关序列模式的概率与统计第13章 RNA二级结构第14章 树和序列第15章 来源与展望参考文献附录 问题解答和提示索引

<<计算生物学导论>>

章节摘录

第1章 分子生物学一些知识 本章的目的是提供分子生物学，特别是DNA和蛋白质序列的一个简单的导引。

理想的是，读者已学过分子生物学或分子化学入门教程，他们可直接读第2章。

入门教程通常超过1000页，这里我们仅给出几个基本点。

为了启发，在后面的一些章节将介绍更多的生物学知识。

生物学最基本的问题之一是理解遗传。

在1865年，Mendel给出遗传的抽象、本质的数学模型，其中，遗传的基本单位是基因。

Mendel的工作一直被遗忘，直到1900年（20世纪初）才被拾起，并在数学上进行了广泛的研究，但仍不知道基因的本质。

仅仅在1944年才知道了基因由DNA构成。

1953年，James Watson和Francis Crick提出了DNA现在著名的双螺旋结构。

双螺旋给出了一个DNA分子是怎样被分开，并变成两个同样的DNA分子的物理模型。

在他们的文章中出现了科学中最著名的一句话：“我们提出的特定的配对直接蕴涵遗传物质可能的复制机制，这一点逃不出我们的注意”。

复制机制是现代遗传学的基础。

在Mendel模型中基因是抽象的，Watson和Crick模型则描述了基因本身，提供了对遗传的深入理解。

下面讨论大分子的一般性质，包括怎样由DNA生成RNA和蛋白。

然后，更多地给出对这些性质来说是基本的生物化学的某些细节。

<<计算生物学导论>>

编辑推荐

20世纪80年代初始,国内对“生物数学”发生兴趣的人越来越多,目前从事生物数学研究、学习生物数学的人数之多已居世界之首。

为了加强交流,在“中国生物数学学会”和科学出版社的共同努力下,组织了本套《生物数学书》,宗旨是促进数学与生物学的相互渗透,促进数学在生物学中的应用,带动生物数学研究的发展,培养国内生物数学人才。

丛书涵盖学术专著、教材、科普及译著,具体包括:生物数学、生物统计教材;数学在生物学中的应用方法;生物建模;生态学中数学模型的研究与使用等。

本丛书的读者对象是数学和生物学相关专业高年级大学生、研究生、高校教师和科研工作者。

<<计算生物学导论>>

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>