

<<生物信息学>>

图书基本信息

书名：<<生物信息学>>

13位ISBN编号：9787800737084

10位ISBN编号：780073708X

出版时间：2003-1

出版时间：中信出版社

作者：皮埃尔·巴尔

页数：405

字数：342000

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>>

### 内容概要

本书介绍了机器学习方法的主要内容及其在生物学数据处理中的应用。

其中对机器学习技术的理论基础——贝叶斯概率体系进行了详细介绍，并在此基础上着重对神经网络、隐也氏模型以及概率图模型等方法在生物信息学中的应用作了详细分析。

书中特别列出一章介绍了DNA微阵列和基因表达，以及相关数据的分析方法。

本书主要针对两个读者群体。

一是生物学和生物化学研究人员，他们想了解基于数据处理的算法；二是物理、数学、统计、计算机科学等领域的学者，他们想知道机器学习方法在分子生物学研究中的应用。

## <<生物信息学>>

### 作者简介

皮埃尔·巴尔迪是美国加州大学医学院信和计算机科学系教授、生物化学系教授，基因组学和生物信息学研究所所长。

索恩·布鲁纳克，是丹麦理工大学生物系教授，生物序列分析中心主任。

## <<生物信息学>>

### 书籍目录

第一章 概述第二章 机器学习的基础：概率理论体系第三章 概率建模和推断：应用举例第四章 机器学习算法第五章 神经网络：理论第六章 神经网络：应用第七章 隐马氏模型：理论第八章 隐马氏模型：应用第九章 生物信息学中的概率图模型第十章 进化的概率模型：系统进化树第十一章 随机文法和语言学第十二章 微阵列和基因表达第十三章 互联网资源和公共数据库附录A 统计学附录B 信息论、熵和相对熵附录C 概率图模型附录D HMM的相关技术：标定、周期构架、状态函数和Dirichlet混合模型附录E 高斯过程、核方法及支持向量机附录F 公式和缩写符号参考文献基本词汇英汉对照表

## 章节摘录

为了让标识成为特异性的可靠描述，进入比对的数据必须不存在冗余，这是一个基本条件。如果多个序列都包含了某个特定位点，就会对概率分布产生影响。

简单的标识可视化技术以及与其相对应的权重矩阵方法，都是对矩阵中每个位置的独立分析。我们将会在第6章中阐述神经网络如何进一步拓展这种分析方法。

通过计算“正”位点比对结果中单体的出现频率与参考分布中频率的比值，权重矩阵对每个位置赋予相应的权重值。

给定一个序列，如果将每个位置上单体所对应的权重的对数值求和，可以得到一个分值。

我们还可以调整选取一个阈值以实现对于真位点

媒体关注与评论

译者序 2002年夏天，中信出版社交给我一本英文原著，是由皮埃尔·巴尔迪(Pierre Baldi)和索恩·布鲁纳克(Soren Bruak)两位教授编写的《生物信息学——机器学习方法》(第2版)，MIT出版社于2001年出版。

出版社的编辑同志告诉我，鉴于本书的学术价值及其在生物信息学领域的重要性，出版社已购买了本书的中文版权，并准备作为社里的重点图书尽快在国内翻译出版。

由于本书作者在生命科学、数学以及计算机科学等多个领域都有相当的造诣，加之本书同时涉及了生物信息学的理论基础和最前沿的实际应用，出

编辑推荐

本书作者不仅给我们展示了当今生物信息学大厦的缩影和构筑大厦的工具，更重要的是作者带领我们经历了如何构筑这个大厦，如何搭建“脚手架”的过程，这无论对于修补这座厦还是构建一座新的大厦都是非常重要的。

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>