

<<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、科研机构的学习参考。

<<DNA计算中的编码方法>>

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。

<<DNA计算中的编码方法>>

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 (T_m) 的预测模型

参考文献

<<DNA计算中的编码方法>>

<<DNA计算中的编码方法>>

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]。

<<DNA计算中的编码方法>>

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>