

(Q-1762.0101)

对基因组测序、蛋白组学和芯片技术等产生的数据进行计算分析是极其重要的。《生物信息学：序列与基因组分析》这本书为分析DNA、RNA和蛋白质数据提供了详尽的计算方法上的指导，它不仅解释了每种方法的优缺点和背后算法，而且还提供了解决生物问题的策略。

基于作者 David W. Mount 在亚利桑那 (Arizona) 大学教授的高级课程，本书的前版在全世界广泛用作教科书。为了更好地适应本科生和研究生的教学，第二版进行了大范围修订。

本书主要新增点：

- 章节更新和修订：为表达得更清晰易懂，一些涉及序列比对、结构预测、进化和基因预测、数据库搜索和基因组分析的章节已经更新并重写。
- 新增章节：增加了使用perl和 BioPerl模块进行生物信息学编程，以及对芯片数据进行统计分析的章节。
- 在线支持增强：额外资料，如问题列表、程序示例和附加材料等，都已提供在本书站点上。
- 对教学有用的新改进：以下有助于教师和学生更好使用本书：
 - 简明引言：对每章的背景和内容都做了简洁介绍
 - 章节必会：对每章里学生应该掌握的概念和技术做了小结
 - 专业词汇：定义每章中的专业词汇
 - 问题列表：教师可用这些问题来测试学生对每章概念和技术的理解掌握程度
 - 实用案例：描述如何应用计算技术来解决现实中的生物学问题

对本科生和研究生来讲，本书将是一本理想的基础教科书。同时它也高度适用于自学人群，如那些喜欢应用计算分析方法术的科研人员以及那些学术和工业实验室里的信息技术专家们。

冷泉港实验室出版

欢迎访问本书网络版：<http://www.bioinformaticsonline.org>

生命科学编辑部

联系电话：010-64019815
<http://www.sciencep.com>
bio@mail.sciencep.com

ISBN 7-03-017640-5



9 787030 176400 >

销售分类：生物科学/生物信息学

ISBN 7-03-017640-5

定价：75.00 元 (含光盘)