



吉首大学学报自然科学版 » 2005, Vol. 26 » Issue (4): 37-40 DOI:

博士论坛

最新目录 | 下期目录 | 过刊浏览 | 高级检索

« Previous Articles | Next Articles »

基于模拟退火遗传算法的多序列比对方法

(1. 广东商学院经济数学系, 广东 广州 510320; 2. 广州航海高等专科学校信息工程系, 广东 广州 510725)

An Algorithm Based on the Simulated Annealing Genetic Algorithm for Multiple Sequence Alignment

(1. Department of Mathematics, Guangdong Commercial College, Guangzhou 510320, China; 2. Information Technology Department of Guangzhou Maritime College, Guangzhou 510725, China)

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

全文: PDF (731 KB) HTML (1 KB) 输出: BibTeX | EndNote (RIS) 背景资料

摘要 针对MSA问题提出了将遗传算法与模拟退火算法结合在一起的混合算法.该算法充分发挥了遗传算法和模拟退火算法的优越性,可提高求解多序列比对MSA问题的计算精度和计算速度,整个算法模拟了自然界进化的周期性,较好的解决了群体的多样性和收敛深度的矛盾.实验表明,该方法算法是有效的.

关键词: MSA 生物信息学 遗传算法 算子

Abstract: The mixed algorithms of genetic algorithms and simulated annealing algorithm are put forward. The new algorithm not only sufficiently exerts the advantages of the two algorithms, but also improves the computing precision and speed. The algorithm simulates the recurrence of nature evolution process, and solves the contradiction between the diversity of population and the convergence speed. The experiment shows that the algorithm is effective.

Key words: multiple sequence alignment; bioinformatics; genetic algorithm; operator

作者简介: 胡桂武(1970-),男,湖南冷水江人,广东商学院经济数学系讲师,博士研究生,主要从事数据挖掘、人工智能、生物信息学研究.

引用本文:

胡桂武,曾岫,黄辉. 基于模拟退火遗传算法的多序列比对方法[J]. 吉首大学学报自然科学版, 2005, 26(4): 37-40.

HU Gui-Wu, ZENG Xiu, HUANG Hui. An Algorithm Based on the Simulated Annealing Genetic Algorithm for Multiple Sequence Alignment[J]. Journal of Jishou University (Natural Sciences Edit), 2005, 26(4): 37-40.

[1] 塞图宝,梅丹尼斯,朱浩,等. 计算分子生物学导论 [M]. 北京: 科学出版社, 2003.

[2] WATERMAN M S. General Methods of Sequence Comparison [J]. Bull. Math. Biol., 1984, 46: 473-500.

[3] WANG L, JIANG T. On the Complexity of Multiple Sequence Alignment [J]. J. Comput. Biol., 1994, (1): 337-348.

[4] 康立山. 非数值并行算法(第一册)——模拟退火算法[M]. 北京: 科学出版社, 1997.

[5] 刘勇, 康立山, 陈毓屏. 非数值并行算法(第二册)——遗传算法[M]. 北京: 科学出版社, 1995.

[6] LIPMAN D J, ALTSCHUL S F, KECECIOGLU J D. A Tool for Multiple Sequence Alignment [J]. Proc natn Acad Sci, 1989, 86: 4 412-4 415.

[7] JIANG Tao, KEARNEY P, LI Ming. Some Open Problems in Computational Molecular Biology [J]. J of Algorithms, 2000, 34: 194-201.

[1] 聂彩云. 关于Hardy-Hilbert(算子)不等式的新改进[J]. 吉首大学学报自然科学版, 2011, 32(2): 6-8.

[2] 王仙云, 方东辉. CAT(κ)空间中非扩张算子的Halpern迭代算法[J]. 吉首大学学报自然科学版, 2011, 32(2): 9-12.

[3] 许绍元. 混合单调算子不动点存在唯一性定理及其应用[J]. 吉首大学学报自然科学版, 2011, 32(1): 11-13.

[4] 朱红英, 李红刚. 新一类非线性模糊混合拟变分包含的迭代算法[J]. 吉首大学学报自然科学版, 2011, 32(1): 14-17.

服务

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ E-mail Alert
- ▶ RSS

作者相关文章

- ▶ 胡桂武
- ▶ 曾岫
- ▶ 黄辉