

产品、研发、测试

基于Bayes推断的基因芯片探针特异性估计模型

彭柳^{1,2}, 冯圣中¹

1.中国科学院 计算技术研究所 国家智能计算机研究开发中心 中国科学院计算机系统结构重点实验室, 北京100080

2.中国科学院 研究生院, 北京100039

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 2007-8-9 接受日期

摘要 序列相似性计算是生物信息处理中的基本问题。针对基因芯片设计中的特异性评价问题, 基于Bayes推断, 建立了DNA序列快速估计算法, 该算法不需要序列联配 (alignment-free), 性能好于广泛应用的相似性计算工具, 可以大幅提高基因芯片设计性能。

关键词 [探针设计](#) [序列相似性估计](#) [贝叶斯推断](#) [特异性](#)

分类号

Probe specificity estimation model based on Bayes theory

PENG Liu^{1,2}, FENG Sheng-zhong¹

1.Institute of Computing Technology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100080, China

2.Graduate School of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China

Abstract

Sequence similarity is one of the pivotal problems in field of bioinformatics. This paper proposes a fast DNA sequence similarity estimation method based on Bayes theory. The algorithm is alignment-free, outperforms current similarity alignment algorithms, and can greatly improve the performance of Gen Chip design.

Key words [probe design](#) [sequence similarity estimation](#) [Bayes theory](#) [specificity](#)

DOI:

通讯作者 彭柳 [E-mail: pengliupl@ncic.ac.cn](mailto:pengliupl@ncic.ac.cn)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(1503KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [复制索引](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ 本刊中 [包含“探针设计”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [彭柳](#)

·

· [冯圣中](#)