文本算法在计算机科学已经有很长一段时间的学习与研究，并且在分子系列数据的计算是计算生物分子学的一部分。存在的和新兴的文本计算算法为计算机科学和生物分子学提供了一种非常有意义的链接桥梁。本书是对文本切割和序列的算法一种传统和缜密的说明。它覆盖了文本算法从经典的计算科学到近代的生物分子学，并尽可能结合两个领域。

除了解释算法之外，本书还强调根本的想法和当今应用的核心技术和将来会试用的新技术。本书包含了一种新途径可用于复杂材料的开发、当前已被应用了的独立方法。生物问题经常被详细讨论到解释起来生物问题就像字符串问题。

本书是由计算机科学和生物科学的毕业生和高级本科生缩写。它经常被用于文本算法课程和面向与计算机生物学的课程，也由被很多教授所读。本书有400多练习题加固展示复杂和额外的主题开发。

历史与动力

尽管我不知道具体时间，但是我在1988年夏天开始写这本书，当时我是XXX中心计算机科学(早期生物信息学)探索小组的一员。我们组遵循传统的假设，生物学中意义非凡的结果都是将DNA比喻为一寸的字符，抽象化DNA的真实性是三寸灵活的分子，在动态的环境中与蛋白质、RNA、不断重复的生命周期能够在一点实践中区分出染色体。一种接近的，但是更准确的假定对蛋白质，持有，距离，所有的信息都要能正确三条折叠的有效信息在蛋白质系列中。根本上，蛋白质依赖生存生物学的环境。这种假定当前已被修改，但当前还是大量保留。